

研究论文

玉米种子休眠性的QTL定位

兰海¹,李新海²,王风格³,高世斌¹,曹墨菊¹,唐祈林¹,潘光堂¹,赵久然³,荣廷昭^{1,*}

1 四川农业大学玉米研究所/教育部作物基因资源与遗传改良重点实验室,四川雅安625014; 2 中国农业科学院作物科学研究所/农业部作物遗传育种重点实验室,北京100081; 3 北京市农林科学院玉米研究中心,北京100097

收稿日期 2006-10-11 修回日期 网络版发布日期 2007-8-21 接受日期 2007-4-12

摘要 选用两个种子休眠性差异较大的普通玉米自交系R08与A318组配的F₂群体共331个单株,构建了包含137个SSR标记的分子遗传连锁图谱,覆盖玉米基因组2 076.7 cM,平均图距15.2 cM。采用复合区间作图法对F_{2:3}家系种子休眠性数据进行分析,共检测到7个QTL,分别位于玉米第1、3、5和10染色体上。7个QTL的贡献率在2.45%~26.

关键词 [玉米](#) [种子休眠性](#) [QTL定位](#) [遗传图谱](#) [SSR](#)

分类号

DOI:

通讯作者:

荣廷昭 rongtz@sicau.edu.cn

作者个人主页: [兰海¹](#); [李新海²](#); [王风格³](#); [高世斌¹](#); [曹墨菊¹](#); [唐祈林¹](#); [潘光堂¹](#); [赵久然³](#); [荣廷昭^{1,*}](#)

扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF \(279KB\)](#)

▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)

▶ [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“玉米”的 相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

- [兰海](#)
- [李新海](#)
- [王风格](#)
- [高世斌](#)
- [曹墨菊](#)
- [唐祈林](#)
- [潘光堂](#)
- [赵久然](#)
- [荣廷昭](#)
-