

农学—研究报告

甜玉米穗位高的QTL定位

蒋锋<sup>1</sup>,刘鹏飞<sup>2</sup>,张姿丽<sup>2,2</sup>,王晓明<sup>2</sup>

1. 仲恺农业工程学院农学院

2.

摘要:

选用穗位高有显著差异的甜玉米自交系T14和T4为亲本配制杂交组合,以330个F2单株为作图群体,用复合区间作图法在玉米全基因组上检测穗位高QTL。结果显示,在F2:3群体中检测到7个与甜玉米穗位高相关的QTL,分别位于玉米第3、4、8、9、10染色体上,可解释3.2%~13.3%的表型变异。这一结果有望为加快高产、耐密和抗倒伏育种进程,实现分子标记辅助选择提供理论依据。

关键词: QTL

QTL Mapping for Ear Height in Sweet Corn

Abstract:

In this study, cross combination was designed by selecting two sweet corn inbred (T14 and T4) different significantly in ear height. Using 330 F2 individuals as genetic mapping population, we carried out QTL screening in whole corn genome with the methods of multiple interval mapping (CIM). The result indicated that 7 QTL in chromosome 3, 4, 8, 9, 10 were screened correlating with ear height trait in F2:3 families, accounting for 3.2%-13.3% of phenotypic variance. The QTL of ear height from this study may improve the procedure of high yield, density and lodging resistance breeding and molecular marker-assisted selection (MAS).

Keywords: QTL

收稿日期 2010-12-27 修回日期 2011-02-14 网络版发布日期 2011-05-27

DOI:

基金项目:

鲜食型玉米抗病核心种质的创建与新品种选育

通讯作者: 蒋锋

作者简介:

作者Email: breakthrough@139.com

参考文献:

[1] 兰进好, 褚栋. 玉米株高和穗位高遗传基础的QTL剖析[J]. 遗传, 2005, 27(6):925-934.

[2] Berke T, Rocheford T. Quantitative trait loci for flowering, plant and ear height and kernel traits in maize[J]. Crop Sci, 1995, 35: 1542-1549.

[3] 张志明, 赵茂俊, 荣廷昭, 等. 玉米SSR连锁图谱构建与株高及穗位高QTL定位[J]. 作物学报, 2007, 33(2):341-344.

[4] Sibov S T, Souza C L J, Garcia A A, et al. Molecular mapping in tropical maize(Zea maysL.)using microsatellite markers: Quantitative trait loci for grain yield, plant height, ear height and grain moisture. Hereditas, 2003, 139:107-115.

[5] Berke T G, Rocheford T R. Quantitative trait loci for flowering, plant and ear height, and kernel

扩展功能

本文信息

- ▶ Supporting info
- ▶ PDF(2192KB)
- ▶ [HTML全文]
- ▶ 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

本文关键词相关文章

- ▶ QTL

本文作者相关文章

- ▶ 蒋锋
- ▶ 刘鹏飞
- ▶ 张姿丽
- ▶ 王晓明

PubMed

- ▶ Article by Jiang, f
- ▶ Article by Liu, P. F
- ▶ Article by Zhang, Z. L
- ▶ Article by Yu, X. M

traits in maize. *Crop Science*, 1995, 35 (6): 1542-1549.

[6] Berke T, Rocheford T. Quantitative trait loci for flowering, plant and ear height and kernel traits in maize. *Crop Science*, 1995, 35: 1542-1549.

[7] 杨晓军, 路明, 张世煌, 等. 玉米株高和穗位高的QTL定位[J]. *遗传*, 2008, 30 (11): 1477-1486.

[8] Paterson A H, Brubaker C L, Wendel J F. A rapid method for extraction of cotton (*Gossypium* spp.) genomic DNA suitable for RFLP or PCR analysis[J]. *Plant Mol Biol Rep*, 1993, 11: 122-127.

[9] Wang F G, Zhao J R, Dai J R, et al. Selection and development of representative simple sequence repeat primers and multiplex SSR sets for high throughput automated genotyping in maize[J]. *Chinese Sci Bull*, 2007, 52( 2): 215-223.

[10] 于永涛, 宋燕春, 黎裕, 等. 玉米对亚洲玉米螟抗性的QTL分析[J]. *玉米科学*, 2007, 15(5): 1-5.

[11] 刘宗华, 谢惠玲, 王春丽, 等. 氮胁迫和非胁迫条件下玉米不同时期叶绿素含量的QTL分析[J]. *植物营养与肥科学报*, 2008, 14(5): 845-851.

[12] 李永祥, 王阳, 石云素, 等. 玉米籽粒构型与产量性状的关系及QTL作图[J]. *中国农业科学*, 2009, 42 (2): 408-418.

[13] 赵茂俊, 高世斌, 张志明, 等. 拔节期与抽穗期玉米纹枯病相关QTL的初步定位[J]. *分子细胞生物学报*, 2006, 39(2): 139-144.

[14] Zhang J, Guo W Z, Zhang T Z. Molecular linkage map of allotetraploid cotton (*Gossypium hirsutum* L. × *Gossypium barbadense* L.) with a haploid population[J]. *Theor Appl Genet*, 2002, 105: 1166-1174.

[15] Van O J, Voorrips R E. JoinMap Version 3.0, Software for the calculation of genetic linkage maps [R]. Wageningen, the Netherlands, Plant Research International, 2001.

[16] Basten C J, Weir B S, Zeng Z B. QTL Cartographer Version 2.0[R]. North Carolina State University, Raleigh, NC, Department of Statistics, 2001.

[17] McCouch S R, Cho Y G, Yano P E, et al. Report on QTL nomenclature[J]. *Rice Genet Newslett*, 1997, 14: 11-13.

### 本刊中的类似文章

1. 闫超, 刘孟雨, 董宝娣, 乔匀周, 石磊. 小麦水分利用效率及相关性状QTL研究进展[J]. *中国农学通报*, 2009, 25 (08): 92-95
2. 孔令娜, 胡茂龙. 水稻光合作用及相关生理性状的QTL定位研究进展[J]. *中国农学通报*, 2010, 26(17): 115-120
3. 王向东, 顾俊飞, 腊红桂, 宋倩, 赵鹏珂, 王化琪. 早稻渗入系抽穗期根系性状定位[J]. *中国农学通报*, 2009, 25(12): 14-19
4. 周蓉, 王贤智, 沙爱华, 张小娟, 周新安. 大豆数量性状定位的研究进展[J]. *中国农学通报*, 2005, 21(10): 30-30
5. 刘晓, 巩迎军, 董彦君, 林冬枝. 一个水稻苗期耐冷性的主效QTL精细定位研究[J]. *中国农学通报*, 2009, 25(22): 0-0
6. 潘英华, 郑薇薇, 李金杰, 张洪亮, 李自超. 水稻耐冷性鉴定及定位研究概况[J]. *中国农学通报*, 2010, 26(17): 54-59
7. 兰海, 张志明, 高世斌, 潘光堂, 荣廷昭. 玉米和小麦种子休眠性QTL的比较研究[J]. *中国农学通报*, 2008, 24(4): 121-125
8. 周仲华, 陈金湘. 棉花数量性状遗传与QTL定位研究进展[J]. *中国农学通报*, 2005, 21(10): 36-36
9. 穆平, 班超. 水稻根系性状QTL的整合、分类和真实性分析[J]. *中国农学通报*, 2009, 25(19): 20-25
10. 毛兴学, 罗文永, 刘彦卓, 陈建伟, 肖昕, 李晓方. 应用外选35和七丝占重组自交系群体初步定位抗稻瘟病QTL [J]. *中国农学通报*, 2005, 21(2): 41-41
11. 赵京岚, 徐玉芳, 李斯深, 马艳明, 王晶, 杨晓华. 影响面条品质的小麦品质性状及其QTLs定位的研究进展[J]. *中国农学通报*, 2003, 19(6): 76-76
12. 刘志贤, 邓化冰. 水稻耐冷性遗传及基因定位研究进展[J]. *中国农学通报*, 2009, 25(16): 45-50
13. 梁永书, 张启军, 叶少平, 刘明伟, 殷得所, 李平. 水稻分蘖相关性状的QTL定位与分析[J]. *中国农学通报*, 2005, 21(12): 47-47
14. 李骏智, 杨泽茂, 李俊文, 石玉真, 刘爱英, 陈琴, 李爱国, 张保才, 刘广平, 蒋建雄, 王涛, 袁有禄. 利用陆海杂种BC1群体构建遗传连锁图谱并初步定位产量性状相关的QTL[J]. *中国农学通报*, 2009, 25(09): 11-18
15. 雷开荣, 李新海, 吴红. 玉米霜霉病的分子遗传学研究进展[J]. *中国农学通报*, 2007, 23(9): 23-23