

研究报告

粳稻发芽期耐碱性的QTL检测

祁栋灵^{1,2},李丁鲁³,杨春刚⁴,李明哲³,曹桂兰¹,张俊国⁴,周庆阳⁵,徐锡哲³,张三元⁴,*.韩龙植¹,*

¹中国农业科学院 作物科学研究所/国家农作物基因资源与基因改良重大科学工程/农业部作物种质资源与生物技术重点开放实验室, 北京 100081; ²中国热带农业科学院 橡胶研究所/国家重要热带作物工程技术研究中心/省部共建国家重点实验室培育基地 海南省热带作物栽培生理学重点实验室, 海南 儋州571737; ³韩国农村振兴厅 国立农业科学院, 韩国 水原 441-707; ⁴吉林省农业科学院 水稻研究所, 吉林 公主岭 136100; ⁵四川农业大学 园艺系, 四川 雅安625014; *通讯联系人, E-mail: lzhan58@yahoo.com.cn; jlgzszsy12@126.com

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 以粳稻交高产106/长白9号的200个F2:3株系为作图群体,在0.15% Na2CO3溶液碱胁迫下,进行了水稻发芽率及其相对碱害率的鉴定评价,并以SSR标记构建的分子连锁图谱为基础,对水稻发芽率及其相对碱害率进行了数量性状基因座(QTL)检测。结果表明,在F3株系群中水稻发芽率及其相对碱害率均呈单峰接近正态的连续分布。共检测到碱胁迫下与水稻发芽率相关的QTL 7个,对表型变异的贡献率范围为4.05%~12.61%,其中位于第6染色体RM225-RM204区间的qGC₆和位于第9染色体RM219-RM3700区间的qGC₉对表型变异的贡献率分别为12.61%和10.85%。共检测到与水稻发芽率相对碱害率相关的QTL 6个,对表型变异的贡献率为4.82%~28.07%,其中位于第2染色体RM29-RM221区间的qRGC₂、位于第6染色体RM225-RM204区间的qRGC₆1、位于第9染色体RM219-RM3700区间的qRGC₉和位于第12染色体RM260-RM3226区间的qRGC₁₂对表型变异的贡献率较大,分别为28.07%、15.35%、15.61%和18.91%,为主效QTL,但其相应的区间距离均较远,需要进一步深入研究。所检测的QTL增效等位基因主要表现为部分显性和超显性。

关键词 [水稻](#); [耐碱性](#); [发芽率](#); [相对碱害率](#); [微卫星标记](#); [数量性状基因座](#)

分类号

DOI: 10.3969/j.issn.1001-7216.2009.06.05

通讯作者:

作者个人主页: 祁栋灵^{1,2};李丁鲁³;杨春刚⁴;李明哲³;曹桂兰¹;张俊国⁴;周庆阳⁵;徐锡哲³;张三元⁴;*.韩龙植¹;*

扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF\(1212KB\)](#)

▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)

▶ [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“水稻; 耐碱性; 发芽率; 相对碱害率; 微卫星标记; 数量性状基因座” 的相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

· [祁栋灵1,2,李丁鲁3,杨春刚4,李明哲3,曹桂兰1,张俊国4,周庆阳5,徐锡哲3,张三元4,*,韩龙植1,*](#)