

研究论文

玉米抗甘蔗花叶病毒QTL的初步研究

王凤格, 刘贤德, 王振华, 张世煌, 李新海, 袁力行, 韩晓清, 李明顺

中国农业科学院作物育种栽培研究所, 农业部作物遗传育种重点实验室, AMBIONET中国实验室, 北京, 100081

收稿日期 2002-2-5 修回日期 2002-6-25 网络版发布日期 接受日期

摘要 以黄早四(抗)×掖107(感)的F2分离群体(184个单株)为作图群体, 构建了具有65个SSR标记位点的遗传连锁图谱, 覆盖玉米基因组1333.3 cM, 标记间平均距离20.5 cM. 通过人工接种鉴定评价184个F3家系对SCMV引起的玉米矮花叶病的抗性反应. 采用复合区间作图法对抗病数量性状位点(QTL)进行定位及遗传效应分析, 结果共检测到3个QTLs, 分别位于第3、6和10染色体上, 与标记phi053、phi077和phi062连锁. 第3染色体上的QTL效应最大, 可解释表型方差的17.8%, 基因作用方式为加性; 第6和第10染色体上的QTL效应较小, 分别解释表型方差的6.1%和7.0%, 基因作用方式均为部分显性. 采用多区间作图法未检测到QTLs间显著的上位性互作. 3个QTLs共解释表型方差的30.2%.

关键词 [玉米](#) [甘蔗花叶病](#) [遗传连锁图谱](#) [SSR标记](#) [数量性状位点](#)

分类号 [S513](#)

Preliminary Studies on QTL Mapping of Resistance to Sugarcane Mosaic Virus in Maize

Wang Fengge, Liu Xiande, Wang Zhenhua, Zhang Shihuang, Li Xinhai, Yuan Lixing, Han Xiaoqing, Li Mingshun

Abstract

Key words

DOI:

通讯作者 王凤格

扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF\(266KB\)](#)

▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)

▶ [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“玉米”的相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

· [王凤格](#)

· [刘贤德](#)

· [王振华](#)

· [张世煌](#)

· [李新海](#)

· [袁力行](#)

· [韩晓清](#)

· [李明顺](#)