

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](#)