

作物遗传育种·种质资源·分子遗传学

基于Meta分析的大豆百粒重的QTLs定位

齐照明,孙亚男,陈立君,郭强,刘春燕,胡国华,陈庆山

(东北农业大学农学院)

收稿日期 2009-1-7 修回日期 2009-3-30 网络版发布日期 2009-10-29 接受日期 2009-10-29

摘要

【目的】百粒重是控制大豆产量性状的主要数量性状,对大豆产量性状进行基因定位具有重要的研究和应用价值。现有百粒重QTL定位结果分散,需选择合适的公共图谱,整合前人的研究结果,使其真正应用到实践中。**【方法】**以2004年发布大豆公共遗传连锁图谱soymap2为参考图谱,将近20年不同试验中的大豆百粒重的QTLs进行映射整合,构建百粒重QTL综合图谱。利用BioMercator2.1的映射功能将国内外常用的大豆图谱上的百粒重QTLs通过公共标记映射整合到大豆公共遗传连锁图谱soymap2上,并利用Meta分析,通过对比已经报道的QTLs的95%的置信区间来推断QTL位置,从而提取真正有效的QTL标记。**【结果】**在已经发表的文献中共找到65个百粒重QTLs定位信息,其中有53个QTLs定位区间与公共图谱有共有标记,包括36个增效效应的QTLs和17个减效效应的百粒重QTLs,共得到12个QTL簇,通过Meta分析,发掘出6个增效效应和6个减效效应的百粒重“通用QTLs”及其连锁标记。**【结论】**本研究得到的“通用QTLs”其置信区间最小可达到1.52 cM,为辅助选择分子标记、QTL精细定位以及数量性状基因的克隆奠定基础。

关键词 [大豆](#) [百粒重](#) [Meta分析](#) [通用QTL](#) [MAS](#)

分类号

DOI:

通讯作者:

胡国华,陈庆山 hugh757@vip.163.com,gshchen@126.com

作者个人主页:

齐照明;孙亚男;陈立君;郭强;刘春燕;胡国华;陈庆山

扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF](#) (558KB)

▶ [\[HTML全文\]](#) (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](#)

相关信息

▶ [本刊中 包含“大豆”的 相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

· [齐照明,孙亚男,陈立君,郭强,刘春燕,胡国华,陈庆山](#)