

利用RIL和CSSL群体检测水稻种子休眠性QTL

江玲1, 曹雅君1, 王春明1, 翟虎渠2, 万建民1, 吉村醇3

1.南京农业大学作物遗传与种质创新国家重点实验室;江苏省植物基因工程技术研究中心;南京210095; 2.中国农业科学院;北京100081; 3.日本国立九州大学农学部;福岡 812-8581

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 利用由粳稻品种Asominori与籼稻品种IR24的杂交组合衍生的重组自交F10家系(Recombinant Inbred Lines, RIL)群体及其衍生的染色体片段置换系(Chromosome Segment Substitution Lines, CSSL)群体,进行了种子休眠性QTL的检测和遗传效应分析。其中CSSL群体有2个,即CSSL1(以Asominori为背景,置换片段来自IR24)和CSSL2(以IR24为背景,置换片段来自Asominori)。在RIL群体上共检测到3个种子休眠性QTL,分别位于第3、6和9染色体上;在CSSL1群体中检测到分布在第1、3和7染色体上的3个休眠性QTL;而在CSSL2群体上检测到的3个QTL则分别位于第1、2和7染色体上。同时在两套CSSL群体上,分别检测到位于第1、7染色体上位置相近且效应一致的休眠性QTL,分析表明其所在的Asominori片段含对种子休眠性的增效基因,相应的IR24片段含有减效基因。

关键词 [水稻](#) [种子休眠性](#) [重组自交系](#) [染色体片段置换系](#) [数量性状基因座](#)

分类号

扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF\(305KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)
- ▶ [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“水稻”的 相关文章](#)
- ▶ 本文作者相关文章

- [江玲](#)
- [曹雅君](#)
- [王春明](#)
- [翟虎渠](#)
- [万建民](#)
- [吉村醇](#)

Abstract

Key words

DOI:

通讯作者