

栽培稻与普通野生稻两个重要分类性状花药长度和柱头外露率的QTL分析

李晨, 孙传清, 穆平, 陈亮, 王象坤

中国农业大学植物遗传育种系北京; 100094

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 用江西东乡普通野生稻(简称东乡普野)和桂朝2号的115株的BC1群体, 构成了1张长度为1418.2cM、包含120个RFLP标记的遗传图谱, 该图谱除第1染色体短臂上的标记的顺序与日本水稻基因组计划发表的图谱不同外, 其他染色体上相对应的标记的顺序及标记之间的遗传距离基本一致。对控制花药长度和柱头外露率这两个栽培稻和野生稻的重要分类性状的QTL分析结果表明, 控制花药长度的2个QTLs分别位于第2染色体C424~G39和第9染色体C2807~C1263间; 控制柱头外露率的2个QTLs分别位于第5染色体R2289~R1553间和第8染色体G1149~R1963间。这两个重要分类性状的QTLs定位, 为进一步研究野生稻进化到栽培稻的分子进化机理提供了有益的信息。

关键词 [普通野生稻](#) [栽培稻](#) [花药长度](#) [柱头外露率](#) [QTL分析](#)

分类号

Abstract

Key words

DOI:

通讯作者

扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF\(203KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)
- ▶ [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“普通野生稻”的相关文章](#)
- ▶ [本文作者相关文章](#)

- [李晨](#)
- [孙传清](#)
- [穆平](#)
- [陈亮](#)
- [王象坤](#)