

栽培稻与普通野生稻BC2F2群体产量相关性状的QTL分析 [PDF]

程桂平¹ 冯九焕¹ 梁国华² 刘向东¹ 李金泉^{1,*}

(¹华南农业大学 广东省植物分子育种重点实验室, 广东 广州 510642; ²扬州大学 植物功能基因组学教育部重点实验室, 江苏 扬州 225009; *通讯联系人, E-mail: lijinquan@scau.edu.cn)

摘要: 以广陆矮4号(*Oryza sativa* ssp. *indica*)为母本及轮回亲本, 普通野生稻 (*Oryza rufipogon*) 为父本, 分单株连续回交2次, 构建BC2F2群体。首先用241对具有双亲多态性的SSR标记对BC2F1单株进行代换片段分析, 在此基础上, 根据BC2F1的表型选产量较优的单株自交获得BC2F2群体, 用代换片段上具有双亲杂合型基因型的24对SSR标记进行QTL定位。在所选的BC2F1单株上, 共检测到分布于7条染色体上的20个野生稻的代换片段, 平均每条染色体上有2.86个; 代换片段长度最小为0.55 cM, 最大为33.00 cM, 平均长度为12.36 cM, 总覆盖长度为247.20 cM, 覆盖率为16.21%。利用BC2F2群体对14个产量相关性状进行QTL定位, 共检测到控制8个性状的20个QTL。对性状表型值起增效作用的有11个, 占总检出数的55%。控制产量相关性状的QTL存在簇状分布现象, 这与表型相关分析结果相符合。

关键词: 栽培稻; 普通野生稻; BC2F2群体; 产量相关性状; 数量性状座位

中国水稻科学. 2006, 20(5): 553-556

.....
.....