

厦门大学硕士学位论文

学校编码: 10384  
学号: 20051302109

分类号 \_\_\_\_\_ 密级 \_\_\_\_\_  
UDC \_\_\_\_\_

厦 门 大 学

硕 士 学 位 论 文

水稻粒型和粒重性状的主效 QTL  
定位研究

Mapping of Major QTL for Grain Shape and Weight Traits  
in Rice(*Oryza sativa* L.)

张 志 勇

指导教师姓名: 黄 育 民 教授

专 业 名 称: 生物化学与分子生物学

论文提交日期: 2008 年 6 月

论文答辩时间: 2008 年 7 月

学位授予日期: 2008 年 月

答辩委员会主席: 陈奕欣 教授

评 阅 人: \_\_\_\_\_

2008 年 7 月

## 厦门大学学位论文原创性声明

本人呈交的学位论文是本人在导师指导下,独立完成的研究成果。本人在论文写作中参考其他个人或集体已经发表的研究成果,均在文中以适当方式明确标明,并符合法律规范和《厦门大学研究生学术活动规范(试行)》。

另外,该学位论文为( )课题(组)的研究成果,获得( )课题(组)经费或实验室的资助,在( )实验室完成。(请在以上括号内填写课题或课题组负责人或实验室名称,未有此项声明内容的,可以不作特别声明。)

声明人(签名):

年 月 日

## 厦门大学学位论文著作权使用声明

本人同意厦门大学根据《中华人民共和国学位条例暂行实施办法》等规定保留和使用此学位论文，并向主管部门或其指定机构送交学位论文（包括纸质版和电子版），允许学位论文进入厦门大学图书馆及其数据库被查阅、借阅。本人同意厦门大学将学位论文加入全国博士、硕士学位论文共建单位数据库进行检索，将学位论文的标题和摘要汇编出版，采用影印、缩印或者其它方式合理复制学位论文。

本学位论文属于：

- (        ) 1. 经厦门大学保密委员会审查核定的保密学位论文，  
于     年   月   日解密，解密后适用上述授权。
- (        ) 2. 不保密，适用上述授权。

（请在以上相应括号内打“√”或填上相应内容。保密学位论文应是已经厦门大学保密委员会审定过的学位论文，未经厦门大学保密委员会审定的学位论文均为公开学位论文。此声明栏不填写的，默认为公开学位论文，均适用上述授权。）

声明人（签名）：

年   月   日

## 摘 要

水稻特殊种质资源是解析水稻基因组功能的重要途径。水稻粒型（粒长、粒宽和长宽比）和千粒重性状与稻米外观、产量及市场价值密切相关，发掘控制水稻粒型和千粒重的主效基因是当前遗传学家和育种家们共同关注的焦点。本研究采用大粒种（JF171 和 JF178）和小粒种（JF222 和 Samba）做亲本，构建两个  $F_2$  群体——JF171/Samba 群体和 JF222/JF178 群体；应用微卫星标记（simple sequence repeats, SSR），通过基于目标性状表现型的分离群体分组分析法（bulk segregant analysis, BSA）构建遗传框架图；采用混合线形模型复合区间定位法（mixed-model based composite interval mapping, MICM）对控制水稻谷粒粒型（粒长、粒宽和长宽比）和千粒重的主效基因进行 QTL 定位分析，并估算其效应值。本研究主要结果如下：

（1）JF171/Samba 和 JF222/JF178 两个群体谷粒粒型和千粒重性状间的相关性分析结果表明：粒长与粒宽、长宽比、千粒重均呈极显著正相关；粒宽与长宽比呈极显著负相关；长宽比与千粒重呈极显著正相关。

（2）应用 SSR 标记和 BSA 法构建两个群体的局部遗传连锁图，JF171/Samba 群体构建了 4 个连锁群，分布于 1、2、6 和 8 号染色体；JF222/JF178 群体构建了 5 个连锁群，分布于 2、5、6、8 和 10 号染色体。

（3）两群体均在 2 号染色体长臂中下部一个相对较小的区间 RM263-RM318 检测到控制谷粒粒型（粒长、粒宽和长宽比）和千粒重性状的主效 QTL，以加性效应为主，加性效应贡献率在 18%~60%，图谱距离约为 18cM，它们的位置部分极为相近或在同一位点。JF171/Samba 群体在 2 号染色体定位到的主效 QTL： $qGL-2-1$ （粒长 QTL）位于标记区间 RM221-RM573，加性效应贡献率 22.47%； $qGW-2-1$ （粒宽 QTL）和  $qKGW-2-1$ （千粒重 QTL）位于标记区间 RM318-RM525，加性效应贡献率分别为 40.02%和 23.62%。JF222/JF178 群体在 2 号染色体定位到的主效 QTL： $qGL-2-2$ （粒长 QTL）和  $qGS-2-2$ （长宽比 QTL）位于标记区间 RM13838-RM13840，加性效应贡献率分别为 60.46%和 17.94%； $qGW-2-2$ （粒宽 QTL）和  $qKGW-2-2$ （千粒重 QTL）位于标记区间 RM263-RM13838，加性效应贡献率分别为 31.49%和 59.66%。同时两个群体都检测到微效 QTL，分布于 5、8 和 10 号染色体。

（4）分析表明：本研究在 2 号染色体长臂 RM263-RM318 区间定位到控制水稻

谷粒粒型和千粒重性状的QTL，是一个尚未被精细定位和克隆的粒型和千粒重性状的主效QTL。这为今后应用分子标记辅助选择大粒优质新品种和图位克隆提供了科学理论依据。

**关键词：**水稻；粒型；粒重；数量性状基因座；基因定位

厦门大学博硕士论文摘要库

## Abstract

Studying special germplasm resource is an important way to reveal rice genomic function. Grain shape traits including grain length(GL), grain width(GW) as well as length/width ratio(GS) and 1000-grain weight(KGW) are closely associated with rice appearance quality, yield and market value. In this study, we selected large grain parent(JF171 and JF178) and small grain parent(JF222 and Samba) to establish two F<sub>2</sub> populations(JF171/Samba population and JF222/JF178 population), and genetic linkage maps were constructed based on SSR(simple sequence repeats) marker and BSA(bulk segregant analysis) method. The QTL mapping analysis of related traits was conducted by MICM(mixed-model based composite interval mapping) method in the two F<sub>2</sub> populations. Main results showed as follows:

(1) Correlation analysis in both F<sub>2</sub> populations indicated that GL was a highly significantly positive correlation with GW, GS and KGW, GW showed a closely significantly negative correlation with GS and GS had a highly significantly positive correlation with KGW.

(2) Local genetics maps in both F<sub>2</sub> populations were constructed by SSR marker and BSA method. For JF171/Samba F<sub>2</sub> population, four linkage groups were located on chromosome 1, 2, 6 and 8 respectively, and for JF222/JF178 F<sub>2</sub> population, five linkage groups were located on chromosome 2, 5, 6, 8 and 10 respectively.

(3) Major QTL conferring GL, GW, GS and KGW in the two populations were all detected in the interval of RM263-RM318 on the long-arm of chromosome 2, which mainly showed additive effects. Their additive H<sup>2</sup> was between 18% and 60%. In the JF171/Samba F<sub>2</sub> population, one GL QTL(*qGL-2-1*), one GW QTL(*qGW-2-1*) and one KGW QTL(*qKGW-2-1*) were identified on RM221-RM573, RM318-RM525 and RM318-RM525 of chromosome 2 respectively. Their additive H<sup>2</sup> were 22.47%, 40.02% and 23.62% respectively. Similarly, in the JF222/JF178 F<sub>2</sub> population, one GL QTL (*qGL-2-2*), one GW QTL(*qGW-2-2*), one GS QTL (*qGS-2-2*) and one KGW QTL (*qKGW-2-2*) were located on RM13838-RM13840, RM263-RM13838, RM263-RM13838 and RM263-RM13838 of chromosome 2

respectively. Their additive  $H^2$  were 60.46%, 31.49%, 17.94% and 59.66% respectively. Furthermore, several minor QTL of related traits were also detected on chromosome 5, 8 and 10 in both  $F_2$  populations.

(4) Major QTL conferring grain shape and weight which were mapped on RM263~RM318 of chromosome 2 in this study has not yet been isolated and pyramided, which will facilitate marker-assisted selection for new large grain and high quality rice varieties and map-based cloning in the future.

**Key words:** rice(*Oryza sativa* L.); grain shape; grain weight; QTL; gene mapping

## 目 录

中文摘要	
英文摘要	
前言	1
1 水稻粒型及粒重性状的遗传研究进展	1
1.1 粒长遗传研究进展	1
1.2 粒宽遗传研究进展	2
1.3 长宽比(粒形)遗传研究进展	3
1.4 粒重遗传研究进展	3
2 水稻粒型及粒重性状的 QTL 定位与克隆研究进展	4
2.1 粒长 QTL 定位与克隆研究进展	4
2.2 粒宽 QTL 定位与克隆研究进展	8
2.3 长宽比(粒形)QTL 定位与克隆研究进展	11
2.4 粒重 QTL 定位与克隆研究进展	13
3 本研究目的意义和新颖之处	18
3.1 目的意义	18
3.2 新颖之处	19
材料与amp;方法	20
1 材料	20
2 方法	21
2.1 遗传群体的构建	21
2.2 谷粒粒型和千粒重的调查	22
2.3 统计分析	22
2.4 SSR 分析	22
结果与分析	25
1 两群体谷粒粒型和千粒重性状的遗传分析	25
1.1 JF171/Samba 群体谷粒粒型和千粒重性状的遗传分	25
1.2 JF222/JF178 群体谷粒粒型和千粒重性状的遗传分析	28
2 两群体连锁图谱的构建	31
2.1 JF171/Samba 群体连锁图谱的构建	31
2.2 JF222/JF178 群体连锁图谱的构建	33
3 两群体谷粒粒型和千粒重 QTL 定位分析	35
3.1 JF171/Samba 群体谷粒粒型和千粒重 QTL 定位分析	35
3.2 JF222/JF178 群体谷粒粒型和千粒重 QTL 定位分析	37
3.3 两群体主效 QTL 对比分析	39
讨论	41
1 亲本及群体的遗传特性	41
2 定位到的主效 QTL 特征分析	41
3 进一步研究探讨	43
附录	45
参考文献	49
致谢	55



## Index

<b>Abstract in Chinese</b>	
<b>Abstract in English</b>	
<b>Preface</b>	1
<b>1 Genetic research of grain shape and weight</b>	1
1.1 Genetics research of grain length	1
1.2 Genetics research of grain width	2
1.3 Genetics research of L/W ratio	3
1.4 Genetics research of grain weight	3
<b>2 QTL mapping and cloning of grain shape and weight</b>	4
2.1 QTL mapping and cloning of grain length	4
2.2 QTL mapping and cloning of grain width	8
2.3 QTL mapping and cloning of L/W ratio	11
2.4 QTL mapping and cloning of grain weight	13
<b>3 Objective and discovery of this research</b>	18
3.1 Objective	18
3.2 Discovery	19
<b>Material and methods</b>	20
<b>1 Material</b>	20
<b>2 Methods</b>	21
2.1 Construction of genetic population	21
2.2 Investigation of grain shape and weight	22
2.3 Statistical analysis	22
2.4 Analysis of SSR	22
<b>Results and analysis</b>	25
<b>1 Genetic analysis of grain shape and weight</b>	25
1.1 Genetic analysis of grain shape and weight in JF171/Samba population	25
1.2 Genetic analysis of grain shape and weight in JF222/JF178 population	28
<b>2 Construction of genetic linkage groups in the two populations</b>	31
2.1 Construction of genetic linkage groups about JF171/Samba population	31
2.2 Construction of genetic linkage groups about JF222/JF178 population	33
<b>3 QTL analysis of grain shape and weight in the two populations</b>	35
3.1 QTL mapping analysis in JF171/Samba population	35
3.2 QTL mapping analysis in JF222/JF178 population	37
3.3 Contrast analysis of the major QTL in the two populations	39
<b>Discussion</b>	41
<b>1 Genetic traits of the parents and populations</b>	41
<b>2 Characteristic analysis of the major QTL</b>	41
<b>3 Discuss of future work</b>	43
<b>Appendix</b>	45
<b>Reference</b>	49
<b>Thanks</b>	55

## 前言

水稻(*Oryza sativa* L.) 是全世界最重要的粮食作物之一, 全世界约 30 多亿人口以稻米为主食<sup>[1]</sup>。水稻也是我国第一大粮食作物, 其面积、单产和总产量均居首位, 水稻生产在我国国民经济中具有举足轻重的地位。随着人口增长和人民生活水平的提高, 市场对优质稻米有更大需求。粮食生产不但要提高品种的产量潜力, 更要注重品质的改良, 而水稻粒型(粒长、粒宽和长宽比)和千粒重会影响稻米外观、产量及市场价值。因此, 选育大粒优质的水稻新品种已成为水稻育种的一个主要目标, 发掘控制水稻粒型和千粒重的主效基因是当前遗传学家和育种家们共同关注的焦点。这对提高稻谷产量和稻米市场的竞争力具有重要意义。

## 1 水稻粒型及粒重性状的遗传研究进展

产量和品质是水稻育种的两个重要目标, 千粒重和籽粒形状作为籽粒固有的生物学属性, 其中千粒重是重要的产量构成因子, 粒型是重要的外观品质性状。很多研究表明它们之间存在较高的相关性<sup>[7, 8, 11, 12, 14, 17]</sup>。本节就水稻粒长(grain length, GL)、粒宽(grain width, GW)、长宽比(L/W (grain shape), GS)及千粒重(1000-grain weight, KGW)的遗传研究进展作简要的概述。

### 1.1 粒长遗传研究进展

粒长、粒宽及长宽比是研究籽粒性状的主要指标, 其中粒长最能反映籽粒形状, 是重要的指标之一。不少研究也表明, 粒长与千粒重呈显著正相关, 极大地影响千粒重, 与稻米的产量密切相关<sup>[2, 17, 20]</sup>。

水稻粒长遗传研究表明: 粒长性状在不同的情况下, 受单基因、双基因、多基因或微效基因控制。关于粒长的遗传分析最早见于赵连芳(1928)的研究, 他利用品种4269(平均粒长8.81mm)与品种4957(平均粒长4.13mm)进行杂交, F<sub>1</sub>代平均粒长5.33mm, 属中间型, F<sub>2</sub>出现部分超亲分离(4.7mm~9.7mm), 表现数量性状遗传<sup>[3]</sup>。像McKenzie<sup>[4]</sup>、祁祖白<sup>[5]</sup>、石春海<sup>[6]</sup>、周清元<sup>[7]</sup>等进行水稻粒长遗传研究结果也都表明, 在F<sub>2</sub>等的分离群体粒长呈现正态分布, 表现为多基因控制的数量性状遗传, 其广义遗传力和狭义遗传力均较高。盛永等人根据极长粒型的香稻与标准型品种杂交后代的分离, 推测粒长由5个基因控制, Kuo根据长粒型的Mira与短粒型的农林20号的杂交结果, 推测粒长由2个基因决定<sup>[8]</sup>。泷田正调查

BG1/越光组合时,发现这一组合的 $F_2$ 分离群体,粒长遗传受2个基因控制,而其高代群体则仅由1个基因控制<sup>[8]</sup>。同时,有关控制粒长的主效基因也有诸多报道,已经定位的控制水稻籽粒性状的质量性状基因主要是一些影响籽粒粒长的主效基因,这些基因多数是对一些自然或人工诱发的突变体材料的研究得出的结果<sup>[2]</sup>。近年来,像刘国平<sup>[9]</sup>、敖雁<sup>[10]</sup>、张林青<sup>[11]</sup>等研究也都表明,粒长是一个受多基因控制的数量性状。这使得粒长遗传有多种假说,即从单基因、双基因、三基因到实质上的多基因遗传<sup>[12]</sup>,造成结果差异的原因可能是由于材料等的不同所致。

粒长性状遗传是以加性效应、显性效应或其它效应为主。芮重庆等研究认为粒长性状的遗传以加性效应为主,并存在着正向部分显性,未观察到上位效应和细胞质影响,但认为可能存在细胞质与细胞核间的互作效应,狭义遗传率达95.3%<sup>[13]</sup>。石春海等研究采用加性—显性遗传模型对早籼谷粒性状进行遗传分析,认为粒长以加性效应为主,加性效应值比率在50.6%~98.4%<sup>[14]</sup>。符福鸿等研究也发现粒长以加性基因效应起主导作用,其广义遗传力和狭义遗传力都很高<sup>[15]</sup>。方平等采用双列杂交设计,研究不育系和恢复系(各5个)均为优质背景下,杂交稻外观品质性状的遗传,结果表明粒长主要受遗传控制,遗传效应可解释表型方差的98.6%以上,且遗传效应以加性效应为主<sup>[16]</sup>。彭小松等研究结果表明粒长性状以加性效应起主导作用,同时受父母本的影响,其广义遗传力和狭义遗传力都较高<sup>[17]</sup>。

综上所述,多数情况下,水稻粒长是一个多基因控制的数量性状,且以加性效应为主,但也不乏主效基因的存在。

## 1.2 粒宽遗传研究进展

多数研究表明:粒宽遗传受多基因控制,其分离群体呈连续分布,但有些品种的粒宽是受单基因或主效基因控制。祁祖白等应用的3个 $F_2$ 群体研究粒型和粒重遗传时认为,粒宽遗传受多基因控制,广义遗传力平均为60.80%<sup>[5]</sup>。McKenzie等研究表明,粒宽的遗传表现为数量性状,遗传力高达79%~92%<sup>[4]</sup>。泷田正研究认为,粒宽受2个基因控制,但高代群体仅由一个基因控制<sup>[8]</sup>。石春海等用不同粒型的6个亲本配置3个杂交组合,并将 $F_1$ 与双亲回交,研究粒型的遗传,发现粒宽性状在 $F_1$ 为中亲值, $F_2$ 及回交后代均呈连续分布,表明为多基因控制的数量性

状遗传, 有较高的广义遗传力和狭义遗传力<sup>[6]</sup>。Takita研究表明,  $F_1$ 宽粒对窄粒表现为部分显性或无显性, 由1~4对基因控制粒宽, 具有宽粒种子的Sesia、Arboria等的粒宽由1对基因控制<sup>[18]</sup>。周清元等选用长而粒重较大的 $PJ_1$ 和籽粒短而粒重较小的 $JH_1$ 作亲本配制杂交组合进行粒型和粒重的遗传研究, 发现 $F_1$ 粒宽性状介于双亲之间,  $F_2$ 呈连续性分布, 表现数量性状遗传, 其遗传力为67.64%<sup>[7]</sup>。上述研究多数显示, 粒宽性状主要是一个由多基因控制的数量性状且有较高的遗传力, 也有一些研究检测到主效基因的存在。

有关粒宽性状是受加性效应、显性效应或其它效应影响时, 其结果因所用材料不同而异。芮重庆等认为, 粒宽有明显的加性效应, 可能不存在上位效应, 但可能存在着核质互作效应<sup>[13]</sup>。石春海等研究表明, 粒宽以加性效应为主, 其加性效应值比率达 64.8%~97.8%<sup>[14]</sup>。符福鸿等研究发现, 粒宽以加性效应为主, 其广义遗传力和狭义遗传力都很高<sup>[15]</sup>。彭小松等的研究结果也表明, 粒宽性状以加性效应为主, 并受父母本的影响, 有较高的广义遗传力和狭义遗传力<sup>[17]</sup>。但有些学者认为, 粒宽是由主效基因和微效基因共同作用的结果<sup>[80]</sup>, 有的存在细胞质效应<sup>[20]</sup>。

可见, 多数情况下粒宽是由多基因控制的数量性状遗传, 且以加性效应为主, 有较高遗传力。

### 1.3 长宽比(粒形)遗传研究进展

粒形可用长宽比表示, 长宽比在 $F_2$ 等的分离群体中基本上表现为正态分布。长宽比性状中加性和非加性效应都很显著, 但以加性效应为主。符福鸿等研究三系杂交稻谷粒性状遗传的结果表明, 长宽比以加性基因效应起主导作用<sup>[15]</sup>。石春海<sup>[6]</sup>、周清元<sup>[7]</sup>等的研究结果显示, 长宽比性状表现为多基因控制的数量性状遗传, 有较高的遗传力。方平等研究了杂交稻外观品质性状的遗传, 结果表明长宽比主要受遗传控制, 遗传效应可解释表型方差的94.4%以上, 且遗传效应以加性效应为主<sup>[16]</sup>。彭小松等研究两系杂交稻谷粒性状的遗传, 结果表明长宽比性状以加性效应为主, 同时受双亲的影响, 其广义遗传力和狭义遗传力都较高<sup>[17]</sup>。综上所述, 长宽比性状是一个多基因控制的数量性状, 并以加性效应起主导作用。

### 1.4 粒重遗传研究进展

粒重是粒长、粒宽与粒厚的综合指标, 是品种的固有特性, 是一个重要的产

量性状和品质性状。自 20 世纪 70 年代以来,国内外科学家对水稻粒重进行了大量的遗传研究,认为粒重是由多基因加性效应所控制的数量性状,但个别的研究也检测到主基因控制的粒重遗传。

熊振民等选用 9 个组合(其中 3 个有正反交),对粒重的遗传动态研究,认为无论大粒/大粒、大粒/小粒或小粒/小粒,都有可能获得大粒型种质,特别是不同类型间的杂交后代,很容易出现超亲遗传,认为控制粒重遗传的多基因有累加作用<sup>[19]</sup>。此后的研究结果推论粒重的微效基因之间存在着互补和累加作用<sup>[20]</sup>。石春海<sup>[6]</sup>、周清元<sup>[7]</sup>、杭州市农科所<sup>[20]</sup>、Chang T M<sup>[23]</sup>、闵绍楷<sup>[24]</sup>、刘国平<sup>[9]</sup>、敖雁<sup>[10]</sup>、张林青<sup>[11]</sup>等研究结果均表明,粒重属于多基因控制的数量性状遗传,有较高的遗传力。祁祖白等利用 3 个 F<sub>2</sub> 群体进行粒型和粒重的遗传研究时,发现粒重遗传受多基因控制,其广义遗传力平均为 68.71%<sup>[5]</sup>。而刘晓辉研究认为,千粒重是较复杂的数量性状,在亲本中控制该性状的等位基因分布是不均衡的,千粒重是由主效基因和一些分布不均衡的微效多基因共同作用<sup>[21]</sup>。此外,许多研究认为,千粒重以加性效应为主,有较高的广义遗传力和狭义遗传力<sup>[9,10,11,15,17,22,23,24]</sup>,但有的同时还受父母本的影响<sup>[17]</sup>。

综上所述,水稻粒型与粒重遗传主要是由多基因控制的数量性状遗传,以加性效应为主,有较高的广义遗传力和狭义遗传力。

## 2 水稻粒型及粒重性状的 QTL 定位与克隆研究进展

水稻许多重要农艺性状,如产量性状、品质性状等,一般表现为数量性状,在分离群体中呈现连续分布。经典的遗传分析方法只能把控制数量性状的多个基因作为一个整体进行研究,难以有效地研究控制目标性状表达的基因数目,基因在染色体上的位置以及基因的效应及其作用方式。随着 DNA 标记技术的不断发展和饱和的分子连锁图谱的大量构建,可以检测控制数量性状的染色体区间,将各个 QTL 分解开来,逐个研究其效应和作用方式,这是数量遗传学的一次重大突破。1996 年 Alpert 和 Tanksley 首次指出植物中 QTL (*fw2.2*) 在特定的群体里可以表现为孟德尔因子,2000 年被 Frary 等采用图位克隆的方法加以克隆<sup>[25]</sup>。近年来,有关水稻粒型和粒重的 QTL 研究已取得许多结果。

### 2.1 粒长 QTL 定位与克隆研究进展

有关粒长 QTL 定位研究的报道很多(表 1),目前已在 20 多个不同类型的群

体中定位到与粒长相关的 QTL 达 119 个，在水稻所有 12 条染色体上均检测到粒长 QTL 存在。从 QTL 出现频率看，其中以 3、2、10 和 1 号染色体上检测到的 QTL 最多；其次是 4、7、5、6、8、11、12、和 9 号染色体。多数研究结果显示：一般在一个遗传群体中可检测到控制粒长性状的 QTL 数目为 3~8 个，分布于 2~5 条不同的染色体上，单个 QTL 的贡献率随研究的不同，差异也较大<sup>[52, 57, 58, 77, 80, 81, 82, 89]</sup>。在一些研究中检测到的粒长性状 QTL 贡献率有的达 30%~50%以上<sup>[47, 48, 57, 69, 82, 84]</sup>。到目前为止，已对粒长进行精细定位的只有 2 个 (*Lk-4(t)* 和 *gl-3*)<sup>[36, 37]</sup>，已克隆报道的仅有 1 个 (*GS3*)<sup>[38]</sup>。

表 1 已经定位到的粒长 QTL 及其分布

Table 1 QTL information for grain length

染色体 Chr.	标记区间 Interval	LOD	贡献率 H <sup>2</sup> %	亲本及群体 Parents and population	参考文献 Ref.
Chr. 1	RM212	6.5	22.0	V20A/galaberrima, BC <sub>3</sub> F <sub>2</sub>	[50, 76]
	G03 <sub>1003</sub>	2.5	11.9	Reiho/Yamadanishiki, DH	[53]
	R2632-C39	16.5	3.7	Zhenshan97/Minghui63, RIL	[57]
	G393-R2201	16.9	3.8	Zhenshan97/Minghui63, RIL	[57]
	RM259-RM84	4.0	11.9	IRAT109/Yuefu, DH	[60]
	RM5-RM302	3.0	12.7	IRAT109/Yuefu, DH	[60]
	R210-C955	5.3	17.7	Asominori/TR24, BC <sub>3</sub> F <sub>2</sub>	[70]
	RZ730-RZ801	6.2	23.3	IR64/Azucena, DH	[77]
	RZ649-RG374	2.9	11.9	Tesanai2/CB1128, F <sub>2</sub>	[80]
	RG173-RG532	2.9	10.4	Tesanai2/CB1128, F <sub>2</sub>	[80]
	RDL5-RM129	8.3	7.9	Lemont/Teqing, RIL	[81]
	RZ14-RG236	3.6	2.9	Lemont/Teqing, RIL	[81]
	Chr. 2	R1843-RMD1	3.1	6.5	Zhenshan97/Minghui63, F <sub>2:3</sub>
CD01091-RG520		3.4	8.0	Labelle/Black Gora, F <sub>2</sub>	[52]
RM240-RM213		3.7	1.2	Zhenshan97/Minghui63, RIL	[57]
RM8		3.2	5.2	IR64/E32, DH	[59]
RM327-RM262		3.0	2.9	IR64/E32, DH	[59]
RM318-RM208		7.9	2.1	IR64/E32, DH	[59]
C777-R1989		7.7	5.8	Asominori/IR24, RIL	[67]
RZ599-R712		2.4	5.1	Zhenshan97/Minghui63, RIL	[69]
C601-R3393		3.9	12.4	Asominori/TR24, BC <sub>3</sub> F <sub>2</sub>	[70]
C624x-RM263		5.8	6.0	Lemont/Teqing, RIL	[81]
C777-R1989		3.9	1.0	H259/Acc8558, RIL	[83]
C955		5.4	20.2	Asominori/IR24, CSSL	[84]
C601		2.5	17.6	Asominori/IR24, CSSL	[84]

	RM6	12.3	—	INI/B14, RIL	[86]
	C560-C1408	4.0	11.7	Nipponbare/Kasalath, BIL	[87]
	G1327-C421	2.9	6.2	Nipponbare/Kasalath, BIL	[87]
	C370-XNpbx4	3.2	—	Asominori/IR24, RIL	[89]
Chr. 3	JL8-RM156	34.9	58.8	Jefferson/rufipogon, NIL	[47]
	RG393-C1087	41.0	63.8	Zhenshan97/Minghui63, F <sub>2,3</sub>	[48]
	RZ251	18.3	25.0	V20A/galaberrima, BC <sub>3</sub> F <sub>2</sub>	[50]
	CD0457-RZ142	4.6	10.4	Labelle/Black Gora, F <sub>2</sub>	[52]
	RZ452-RZ284	10.0	20.0	Labelle/Black Gora, F <sub>2</sub>	[52]
	C1087-RZ403	81.6	30.1	Zhenshan97/Minghui63, RIL	[57]
	R321-RM55	17.9	4.5	Zhenshan97/Minghui63, RIL	[57]
	RM200-RM227	6.4	1.5	Zhenshan97/Minghui63, RIL	[57]
	C63-CT125	2.7	9.9	Zhaiyeqing8/JXi17, DH	[58]
	RM156	13.0	29.9	IR64/E32, DH	[59]
	RM49-PSM130	—	3.0	Huananxian74, SSSL	[64]
	C80-C1677	27.8	32.2	Asominori/IR24, RIL	[67]
	XNpb249-C1468	7.3	11.6	Asominori/IR24, RIL	[67]
	RG393-C1087	35.8	64.5	Zhenshan97/Minghui63, RIL	[69]
	RZ403-R19	11.9	27.6	Zhenshan97/Minghui63, RIL	[69]
	R19-C1677	5.9	24.5	Asominori/TR24, BC <sub>3</sub> F <sub>2</sub>	[70]
	RM251-RM338	3.8	12.5	Caiapo/IRGC103544, DH	[73]
	RZ251	19.1	24.0	V20A/galaberrima, BC <sub>3</sub> F <sub>2</sub>	[76]
	RZ519-RZ448	4.2	13.4	IR64/Azucena, DH	[77]
	RZ337A-CD0337	6.2	19.2	IR64/Azucena, DH	[77]
	Xbcd907	3.7	17.8	Kanota/Ogle, RIL	[78]
	RD3.5-RD3.7	15.3	17.3	Lemont/Teqing, RIL	[81]
	P75	7.1	2.0	H259/Acc8558, RIL	[83]
	Xpsr100-R250	7.1	4.0	H259/Acc8558, RIL	[83]
	Xprs575	6.7	0.3	H259/Acc8558, RIL	[83]
	C1677-R19	5.7	40.1	Asominori/IR24, CSSL	[84]
	R19-C1677	4.5	—	Asominori/IR24, RIL	[89]
Chr. 4	RZ656-RG449	5.7	12.7	Labelle/Black Gora, F <sub>2</sub>	[52]
	RG476-RG620	3.8	8.6	Labelle/Black Gora, F <sub>2</sub>	[52]
	RM255	3.5	16.4	Reiho/Yamadanishiki, DH	[53]
	RM261-RM177	5.6	3.1	IR64/E32, DH	[59]
	RM273-RM252	4.5	1.6	IR64/E32, DH	[59]
	XNpb331-C335	3.1	7.1	Asominori/TR24, BC <sub>3</sub> F <sub>2</sub>	[70]
	C22-RG449	34.2	44.0	Gui630/02428, DH	[82]
	P77	3.2	3.6	H259/Acc8558, RIL	[83]
	M22-6	4.3	7.2	H259/Acc8558, RIL	[83]
	C335	4.5	10.4	Asominori/IR24, CSSL	[84]
Chr. 5	RG360-C734B	13.5	3.6	Zhenshan97/Minghui63, RIL	[57]
	R1838-RM87	4.3	28.9	IRAT109/Yuefu, DH	[60]
	Y1060L-R569	7.9	10.3	Asominori/IR24, RIL	[67]

	RM163-RM161	8.8	9.0	Lemont/Teqing, RIL	[81]
	G387A-RG360	16.7	11.4	Gui630/02428, DH	[82]
	RZ67-RG470	4.0	2.1	Gui630/02428, DH	[82]
	R1436-R2289	3.2	8.6	Nipponbare/Kasalath, BIL	[87]
Chr. 6	RM204	2.5	13.0	Reiho/Yamadanishiki, DH	[53]
	CT506-G200	4.8	18.4	Zhaiyeqing8/JXi17, DH	[58]
	CT380B-G294	4.1	14.6	Zhaiyeqing8/JXi17, DH	[58]
	RM539-RM121	—	10.2	Hwaseongbyeon/HG101, F <sub>2:3</sub>	[72]
	RM162-RM30	3.3	4.7	Caiapo/IRGC103544, DH	[73]
	R674-R2549	5.1	15.0	Nipponbare/Kasalath, BIL	[87]
Chr. 7	RG128-C1023	3.9	15.4	Zhenshan97/Minghui63, F <sub>2:3</sub>	[48]
	RG711-RG650	8.0	17.2	Labelle/Black Gora, F <sub>2</sub>	[52]
	RM351	4.3	3.4	IR64/E32, DH	[59]
	XNpb379-268	16.0	19.1	Asominori/IR24, RIL	[67]
	Xisul961	3.7	21.9	Kanota/Ogle, RIL	[78]
	Xhcd1872a	2.5	7.5	Kanota/Ogle, RIL	[78]
	RG146-RG650	3.0	10.2	Tesanai2/CB1128, F <sub>2</sub>	[80]
	RD7.10-RD7.11	9.5	13.9	Lemont/Teqing, RIL	[81]
	P76	4.9	4.5	H259/Acc8558, RIL	[83]
	R1245-R2677	2.2	—	Asominori/IR24, RIL	[89]
Chr. 8	PSM394-RM210	—	2.9	Huananxian74, SSSL	[64]
	RG108-RZ562	2.2	6.3	Tesanai2/CB1128, F <sub>2</sub>	[80]
	A8558-3	3.5	4.3	H259/Acc8558, RIL	[83]
	G1073	4.3	8.5	H259/Acc8558, RIL	[83]
	R2662	6.8	1.0	H259/Acc8558, RIL	[83]
Chr. 9	RM105	2.8	3.1	IR64/E32, DH	[59]
	XNpb339-C796C	12.2	10.7	Asominori/IR24, RIL	[67]
	RZ206-RG213	10.4	3.4	Gui630/02428, DH	[82]
	C472	2.0	—	Asominori/IR24, RIL	[89]
Chr. 10	RZ421	3.6	5.0	V20A/galaberrima, BC <sub>3</sub> F <sub>2</sub>	[50, 76]
	RZ625-RZ337	3.7	8.4	Labelle/Black Gora, F <sub>2</sub>	[52]
	RM304-RM147	10.2	30.7	Zhenshan97/Wuyujing2, DH	[68]
	G2155-RC134	5.6	17.9	IR64/Azucena, DH	[77]
	RG241-RG561	2.5	10.4	Tesanai2/CB1128, F <sub>2</sub>	[80]
	RG752-RG1094	5.3	4.9	Lemont/Teqing, RIL	[81]
	RZ527-RZ337	11.9	4.2	Gui630/02428, DH	[82]
	RG449a-RG449b	6.9	1.6	Gui630/02428, DH	[82]
	C961	5.7	1.9	H259/Acc8558, RIL	[83]
	C1361	7.5	8.5	H259/Acc8558, RIL	[83]
	G1082	9.4	1.0	H259/Acc8558, RIL	[83]
Chr. 11	RM209-G257	7.2	2.2	Zhenshan97/Minghui63, RIL	[57]
	B01482	5.3	23.4	Reiho/Yamadanishiki, DH	[53]
	RM229-RM21	—	15.3	Hwaseongbyeon/HG101, F <sub>2:3</sub>	[72]
	Xumn441a	2.7	9.4	Kanota/Ogle, RIL	[78]



Degree papers are in the "[Xiamen University Electronic Theses and Dissertations Database](#)". Full texts are available in the following ways:

1. If your library is a CALIS member libraries, please log on <http://etd.calis.edu.cn/> and submit requests online, or consult the interlibrary loan department in your library.
2. For users of non-CALIS member libraries, please mail to [etd@xmu.edu.cn](mailto:etd@xmu.edu.cn) for delivery details.

厦门大学博硕士论文摘要库