

陈俊宇, 卢峰, 陈婉莹, 等. 玉米生育期相关性状 QTL 定位[J]. 江苏农业科学, 2022, 50(8): 63–68.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2022.08.012

玉米生育期相关性状 QTL 定位

陈俊宇, 卢峰, 陈婉莹, 何永辉, 刘欢欢, 印志同

(扬州大学植物功能基因组学教育部重点实验室/江苏省粮食作物现代产业技术协同创新中心/
教育部农业与农产品安全国际合作联合实验室/江苏省作物基因组学和分子育种重点实验室, 江苏扬州 225009)

摘要:生育期是玉米重要的性状之一, 其中抽穗期、散粉期和吐丝期是 3 个最重要的指标。以玉米自交系 LDC-1 和 YS501 构建的 186 个重组自交系为材料, 在 2 个大田种植环境下对抽穗期、散粉期和吐丝期 3 个生育期相关性状进行 QTL 解析。基于 Maize10k 芯片数据构建总长为 2 569.89 cM 的高密度遗传图谱, 共包含 2 624 个 bin, 相邻标记间的平均距离为 0.98 cM。共检测到 32 个生育期相关性状 QTLs, 似然函数比值对数值 (logarithm of odds, 简称 LOD) 为 2.52~10.86, 贡献了 3.33%~17.19% 的表型变异。其中 *qDIT9-1*、*qDTS9-2* 在不同环境中稳定表达且效应较大, 在育种中可能具有较大利用价值。本研究结果可为进一步精细定位生育期相关性状 QTLs 和利用分子标记辅助选择开展品种改良提供参考。

关键词:玉米; 生育期; 遗传图谱; QTL 定位

中图分类号: S513.03 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2022)08-0063-06

生育期是玉米重要的性状之一, 不同玉米品种生育期存在较大差异。在生产中, 需要依据种植地区与播种时间选择生育期适宜的玉米品种以保证产量的稳定, 因此通过育种手段选育适宜生育期品种就显得尤为重要。而抽穗期、散粉期、吐丝期作为 3 个最重要的生育指标, 在玉米生长发育进程中占据重要地位, 不仅与营养生长向生殖生长的转变有关, 还与花期协调和籽粒产量密切相关^[1-2]。

抽穗期、散粉期、吐丝期等性状均为典型的数量性状, 由多基因控制。目前, 国内外研究者对玉米生育期相关性状进行了较多的 QTL 定位分析^[3-6]。公强等以 CN165 × 单 330 (早熟种质) 构建 F_{2:3} 家系对花期相关性状进行 QTL 鉴定, 在 3 个环境检测到 26 个生育期相关性状的 QTLs, 可以解释的表型变异为 7.1%~26.5%, 3 个环境中均于第 8 染色体上的 phi060~umc2401 区间检测到了与抽穗时间相关的 QTL, 其余 QTL 并未在 3 个环境重复检测到^[7]。李玉玲等利用同样来源 F_{2:3} 和 BC₂S₁ 群

体对玉米生育期相关性状进行初步定位与分析, 发现在 2 类群体中 QTL 检测结果存在较大差异, 其中 F_{2:3} 群体检测出的 QTL 数目和贡献率均高于 BC₂S₁, 同时指出遗传背景差异对生育期主效 QTL 的检测影响较大^[8]。Buckler 等利用 1 组 5 000 个重组自交系在 8 个环境条件下对植株进行表型鉴定, 检测到控制开花期、吐丝期等性状的位点均超过 50 个, 未检测到单一大效应的 QTL, 只有 7 个等位基因对开花时间的影响超过 1 d, 该结果说明开花期性状是由多个微效基因所控制的^[9]。Coles 等通过温带玉米自交系和热带自交系构建了 4 个群体, 利用多群体联合分析鉴定出了控制开花时间的基因组区域^[10]。目前, 有关生育期相关基因的克隆研究方面也取得了一定进展, 已经克隆的基因包括第 1 染色体上的 *DWARF8 (D8)* 和 *INDETERMINATE GROWTH1 (ID1)*、第 7 染色体的 *DELAYED FLOWERING 1 (dfl1)* 以及位于第 8 染色体的 *VEGETATIVE TOGENERATIVE TRANSITION1 (VGT1)*^[11-15], 这些基因通过自主调控玉米开花转换、介导开花诱导信号的传递和调控营养生长向生殖生长转变等途径调节玉米生育期。尽管国内外学者在生育期相关基因定位和克隆方面取得了一些进展, 但是由于不同研究中群体类型、遗传背景、群体规模、统计方法等因素的差异, 检测的 QTL 结果不尽相同, 在不同环境中能稳定检测到的 QTL 仍

收稿日期: 2021-10-26

基金项目: 江苏省农业重大新品种创制项目 (编号: PZCZ201710); 江苏省农业自主创新资金 [编号: CX(20)1002]。

作者简介: 陈俊宇 (1997—), 男, 江苏盐城人, 硕士研究生, 主要从事玉米遗传育种研究。E-mail: 2577460773@qq.com。

通信作者: 印志同, 博士, 教授, 主要从事玉米遗传育种研究。
E-mail: ztyin@yzu.edu.cn。

较少。除此以外,大多数定位和克隆的基因或位点的利用在育种实践中存在困难或局限,因此仍需开发新的位点。

本研究以玉米自交系 LDC - 1 和 YS501 所衍生的重组自交系,构建高密度遗传连锁图谱,对生育期相关性状进行 QTL 定位,探寻能够在多个环境条件下均能稳定表达的 QTL,旨在为解析玉米生育期的遗传机制、挖掘生育期有关基因及开展玉米分子育种研究提供参考。

1 材料与方法

1.1 材料

材料为玉米商用杂交种天玉 88 的 2 个亲本自交系 LDC - 1 和 YS501,以及该杂交种连续自交 7 代衍生的 186 个重组自交系。

1.2 田间试验设计

试验材料在 2020、2021 年 2 年分别种植于 2 个环境中:2020 年夏种植在扬州大学扬子津校区试验田(E1,32.4°N、119.4°E);2021 年夏种植在镇江世业洲试验田(E2,32.2°N、119.5°E)。田间采用随机区组设计,2 次重复,每行 10 株,行长 2 m,行距为 60 cm,株距为 20 cm,田间管理同一般大田。

1.3 性状调查

在玉米整个生长阶段调查玉米从播种到抽穗、散粉、吐丝的时间作为生育期相关指标,其中抽穗期(days to tasseling,简称 DTT)记为从播种到抽出雄穗的时间,散粉期(days to pollen - shedding,简称 DTP)记为从播种到开花散粉的时间,吐丝期(days to silking,简称 DTS)记为从播种到雌穗吐丝的时间。以上数据以家系为单位进行统计。

1.4 数据处理

基于 SPSS23.0 软件对表型数据进行方差分析、相关分析和描述统计,利用 Microsoft Excel 2016 处理基因型数据。

1.5 连锁图谱构建与 QTL 分析

由北京中玉金标记生物技术股份有限公司对亲本及其衍生的重组自交系群体进行 Mazie10K 基因型检测。使用 Microsoft Excel 2016 软件按照以下步骤处理获得的基因型数据:(1)删除亲本基因型杂合与亲本间无多态性的标记;(2)删掉杂合率和缺失率大于 20% 的 SNP 标记;(3)筛选出等位基因频率大于 0.05 的标记;(4)利用 binmap R 包对获得的 SNP 数据进行纠错。遗传图谱基于 R/qtl 构建,

通过 Kosambi 函数计算标记间距离,遗传图距的单位为厘摩(centimorgan,简称 cM)。

各参数的 QTLs 检测采用 Windows QTL Cartographer 2.5 软件完成,使用 Kosambi 函数转化重组率为图距,作图步长为 1.00 cM;采用复合区间作图法检测 QTL 位点,通过 1 000 次重排获得 QTL 显著的 LOD 阈值($P < 0.05$)。同一条染色体上的同一性状 LOD 相距 10 cM 左右;置信区间出现重叠的位点被认为是同一 QTL^[16]。

本研究中 QTL 命名参考 McCouch 等的方法^[17],规则如下:生育期相关性状的 QTL 以 *qDTT2 - 1* 为例,q 表示 QTL,DTT 为性状英文字母缩写,2 - 1 表示在 2 号染色体检测到的第 1 个 QTL。

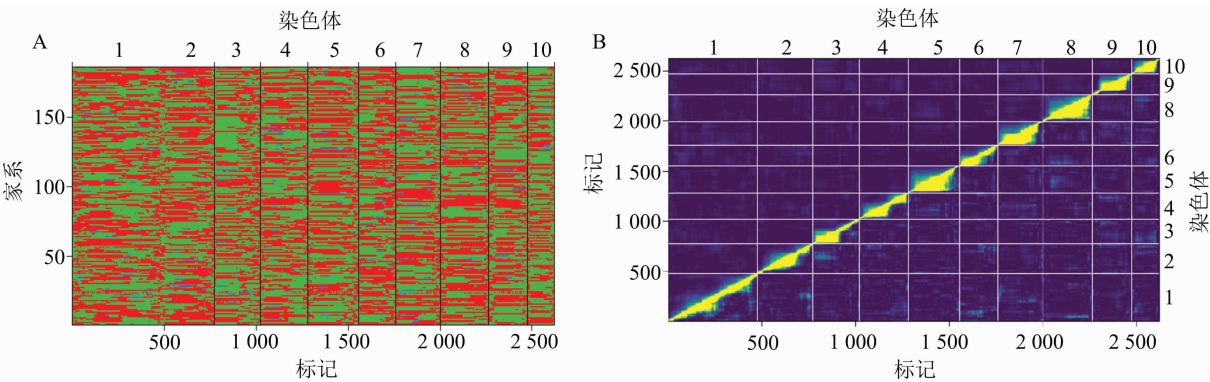
2 结果与分析

2.1 遗传图谱构建

利用 10K 的 SNP 标记检测 RIL 群体的基因型,采用滑动窗口法,将连续多个标记基因型结果相同的 SNP 视为 1 个 bin,排除基因型错误的 SNP 标记。经过筛选后 bin map 共包含 2 624 个 bin(表 1、图 1),构建 bin map 遗传图谱,全长为 2 569.89 cM,标记密度为 1.02 bin/cM,标记间平均距离为 0.98 cM。bin 标记在每条染色体上的分布疏密不均,且密集区域不同,其中第 1 染色体的遗传距离最长(417.96 cM),且标记密度也最大,为 1.14 bin/cM;第 10 染色体的遗传距离最短,为 158.69 cM;第 3 染色体的标记密度最小,为 0.89 bin/cM。依据 bin 在各染色体上的信息,计算 bin 两两之间的重组率(图 1 - B),表明邻近 bin 之间连锁程度较高,距离较远的 bin 之间连锁程度低,bin map 质量较好。

表 1 RIL 群体染色体的 bin 数量及遗传距离统计

染色体	标记数量	染色体长度 (cM)	标记间平均距离 (cM)	标记密度 (bin/cM)
1	475	417.96	0.88	1.14
2	294	264.12	0.90	1.11
3	252	282.93	1.12	0.89
4	260	247.75	0.95	1.05
5	276	307.67	1.11	0.90
6	203	188.24	0.93	1.08
7	239	250.46	1.05	0.96
8	265	218.32	0.82	1.22
9	211	233.75	1.11	0.90
10	149	158.69	1.07	0.94
总计	2 624	2 569.89	0.98	1.02



A—基因型数据, 图中红绿色分别表示 2 个亲本的基因型, 蓝色表示杂合基因型; B—重组 bin 两两之间重组率(左上三角)和似然函数对数值(LOD)(右下三角)的热图, 蓝色代表 bin 之间重组率高, 黄色代表重组率低

图1 RIL 群体 bin map 质量评估

2.2 重组自交系群体以及亲本的表型分析

对 RIL 群体和亲本的生育期相关性状进行描述性统计分析(表 2),发现 2 个环境中父母本生育期相关性状均存在显著差异,其中抽穗期的差异最大,LDC -1 比 YS501 平均延迟了 2.7 d。RIL 群体

中 3 个生育期的数据在不同环境的偏度和峰度绝对值均小于 1(吐丝期峰度除外),大都近似正态分布(图 2)。3 个性状的遗传差异和环境差异都达到极显著水平,各个性状的广义遗传力为 68.98% ~ 73.81%(表 2)。

表 2 RIL 群体生育期相关性状的表型统计分析

生育期	环境	亲本		RIL 群体						
		YS501	LDC - 1	平均值 ± 标准差	变幅	偏度	峰度	F 值		遗传力 (%)
								基因型	环境	
抽穗期	E1	58.70 **	62.3	58.29 ± 0.19	50.50 ~ 65.50	-0.322	0.270	2.802 **	248.358 **	73.81
	E2	53.80 **	55.6	54.57 ± 0.26	48.00 ~ 64.00	0.370	-0.417			
散粉期	E1	62.00 **	65.3	61.95 ± 0.26	53.00 ~ 70.00	0.281	-0.399	2.408 **	313.869 **	70.78
	E2	55.80 *	57.4	56.97 ± 0.25	51.50 ~ 64.00	0.464	-0.528			
吐丝期	E1	63.30 *	66.7	62.50 ± 0.24	57.00 ~ 75.50	0.981	1.113	2.209 **	181.897 **	68.98
	E2	56.60 *	58.4	58.24 ± 0.32	51.00 ~ 69.00	0.569	-0.287			

注: *、** 分别表示相关显著($P < 0.05$)、极显著($P < 0.01$)。表 3 同。

对 2 个不同环境条件下玉米 RIL 群体的抽穗期、散粉期和吐丝期进行相关性分析(表 3),结果表明,2 个环境条件下玉米 RIL 群体抽穗期、散粉期、吐丝期两两之间均呈极显著正相关,相关系数均大于 0.7。

2.3 生育期相关性状的 QTL 定位

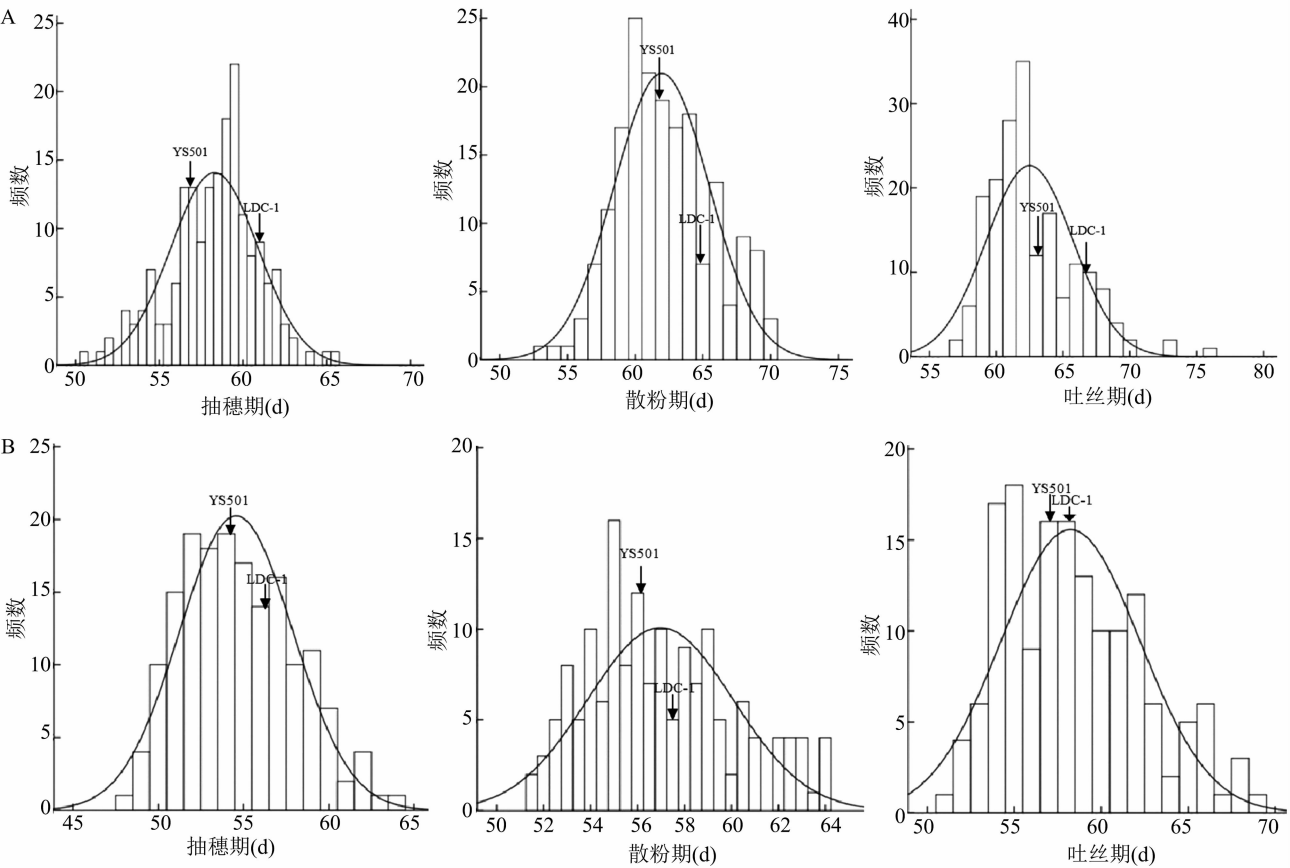
采用复合区间作图法(CIM)对抽穗期、散粉期和吐丝期 3 个性状进行 QTL 检测,于 2020 年扬州夏播和 2021 年镇江夏播 2 个环境中共检测到 32 个调控目标性状的 QTLs(表 4、图 3),LOD 值为 2.52 ~ 10.86,表型变异贡献率为 3.33% ~ 17.19%。

由 2 个环境的定位结果可知,共检测到 10 个控制抽穗期的 QTLs,分布在第 1、2、4、6、7、9、10 染色体上,解释了 3.77% ~ 15.71% 的表型变异,LOD 值为 2.73 ~ 9.89。进一步研究发现,在第 9 染色体上

的 QTL *qDTT9 - 1* 于 2 个环境中重复检测到,且该 QTL 表型贡献率最大,在 E1、E2 环境分别为 15.71%、10.91%,加性效应均为负值,推测可能是同一 QTL,来自母本 LDC -1 的等位基因对抽穗期起到了提前的作用。

在 2 个不同的环境中共检测到 11 个控制散粉期的 QTL,分布在第 2、3、4、6、9、10 染色体上,LOD 值为 2.52 ~ 8.97,解释了 3.81% ~ 15.32% 的表型变异。通过分析发现,于 E1 环境定位到的 *qDTP4 - 1* 对表型的贡献率最大,该 QTL 加性效应为 1.41,解释了 15.32% 的表型变异,增效基因来自母本 LDC -1。

对于检测到的吐丝期相关 QTL,11 个 QTL 分布于除第 7、8 染色体外的其余 8 条染色体上,解释的表型贡献率为 3.33% ~ 17.19%,LOD 值为 2.55 ~ 10.86。进一步分析发现, *qDTS9 - 2* 在 2 个环境中



A、B 分别为 E1、E2 环境条件下 3 个生育期性状的频数分布；LDC-1、YS501 分别为母本、父本

图2 2 个环境条件下生育期相关性状频数分布

表 3 2 个环境条件下玉米生育期相关性状间的相关分析

生育期	相关系数			
	E1		E2	
	抽穗期	散粉期	抽穗期	散粉期
散粉期	0.862 **		0.921 **	
吐丝期	0.802 **	0.777 **	0.807 **	0.839 **

均被检测到,且 2 个环境条件下的表型贡献率均高于 10%,在 E1、E2 环境分别为 17.19%、12.35%,LOD 值最高为 10.86,为吐丝期主效 QTL,加性效应为负,该增效基因来自父本 YS501。

3 讨论与结论

本研究于 2 个环境中共检测到 32 个控制生育期相关性状的 QTLs,分布在除了第 8 染色体以外的 9 条染色体上。其中检测到的部分 QTL 与前人具有一致性,本研究检测到的 *qDTP3-2* 与曹浩飞等基于单片段代换系群体在 3 号染色体上 *umc1844-umc1320-bnlgl182* 标记区间内检测到的散粉期 QTL *qDTA3-2* 的定位区间重叠^[18];7 号染色体上

的 *qDTT7-2* 与高世斌等利用 N87-1×9526 在 7 号染色体标记区间 *bnlg1805* 内定位到的开花期相关性状 QTL 区间重叠^[19];9 号染色体上的 *qDTT9-1*、*qDTS9-2* 与魏海忠等利用玉米自交系 80007 和 80044 所构建的重组自交系群体在第 9 染色体上于标记 *bnlg127-umc2337* 内定位到的生育期相关性状主效 QTL 区间重叠^[20],这些与前人相似的结果说明本研究 QTL 检测结果的真实性与可靠性。进一步分析发现,其中 *qDTT9-1*、*qDTS9-2* 于 E1、E2 2 个环境中均能检测到,且表型贡献率较大(大于 10%),上述 QTL 可能具有较高的育种利用价值,为后续开展精细定位与基因克隆等方面的研究奠定了基础。另外本研究还存在一些前人未发现的新 QTL,但只在单环境中被检测到,如 *qDTT4-1*、*qDTP4-1* 等,这些 QTL 仍需进一步利用不同群体验证其真实性。

生育期作为典型的数量性状,对环境的变化较为敏感,因此在不同环境下控制生育期的基因表达可能不尽相同,这就会导致 QTL 检测结果有所差异。在本研究中,通过对 2 个环境的 QTL 检测结果

表 4 2 个环境条件下 RIL 群体中生育期相关性状的 QTL 检测结果

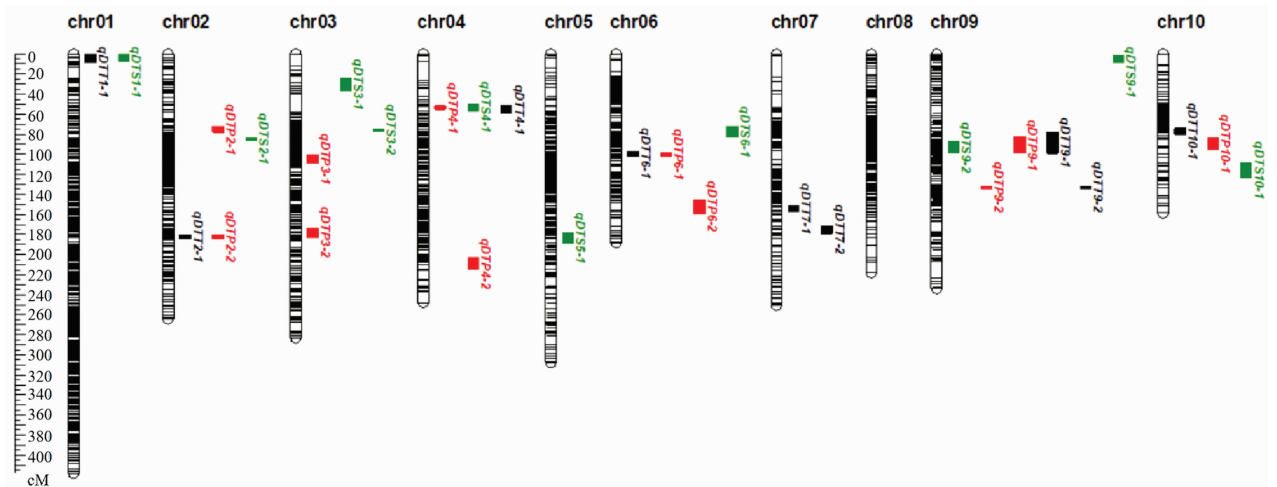
生育期	QTL	染色体	环境条件	置信区间 (cM)	物理位置 (bp)	LOD	Additive	R ² (%)
抽穗期	qDTT2-1	2	E1	171.9~194.7	204 002 883~224 629 523	3.06	-0.56	4.44
	qDTT4-1	4		42.2~60.0	6 087 844~18 375 167	5.57	0.78	8.65
	qDTT6-1	6		89.1~109.9	132 738 473~153 340 713	3.24	-0.57	4.63
	qDTT7-1	7		138.5~164.8	146 763 898~159 779 170	2.83	0.53	3.77
	qDTT7-2	7		164.8~183.7	159 779 170~170 257 603	2.73	0.53	3.9
	qDTT9-1	9		84.8~93.3	23 615 353~77 255 078	9.89	-1.05	15.71
	qDTT9-2	9		129.3~143.3	117 065 202~127 649 149	3.15	-0.65	4.18
	qDTT10-1	10		64.1~94.5	76 548 888~138 535 898	5.80	0.80	8.86
	qDTT1-1	1	E2	0.0~8.6	0~4 340 648	2.86	0.81	5.65
	qDTT9-1	9		83.6~98.4	24 088 478~82 567 046	5.24	-1.12	10.91
散粉期	qDTP2-1	2	E1	62.4~84.3	11 165 147~28 224 032	3.74	0.89	6.06
	qDTP2-2	2		171.9~195.7	204 002 883~224 429 927	2.52	-0.72	4.03
	qDTP3-1	3		91.6~111.4	114 250 872~163 192 402	4.04	0.93	6.52
	qDTP3-2	3		171.8~198.3	189 867 105~214 752 570	2.75	-0.73	4.10
	qDTP4-1	4		45.7~55.5	5 767 765~17 280 380	8.97	1.41	15.32
	qDTP6-1	6		87.3~114.0	136 401 913~155 917 071	2.55	-0.70	3.81
	qDTP9-2	9		129.7~137.6	108 418 716~133 460 917	6.83	-1.21	11.57
	qDTP4-2	4	E2	192.7~214.4	231 903 743~241 322 322	2.69	0.75	5.67
	qDTP6-2	6		145.4~159.4	165 840 496~167 161 170	2.74	-0.84	6.81
	qDTP9-1	9		82.6~99.0	24 088 478~77 255 078	3.66	-0.87	7.82
	qDTP10-1	10		81.8~95.5	126 320 503~140 119 850	3.05	0.82	6.48
吐丝期	qDTS2-1	2	E1	75.6~94.5	19 119 729~43 539 893	5.44	0.92	7.78
	qDTS3-2	3		65.3~86.4	21 004 152~61 280 554	2.92	0.68	4.07
	qDTS4-1	4		42.1~56.6	6 087 844~18 124 424	5.94	0.98	8.68
	qDTS5-1	5		168.0~194.1	170 514 043~194 078 146	2.55	0.61	3.33
	qDTS6-1	6		69.0~89.1	100 495 033~134 042 655	2.88	-0.66	4.05
	qDTS9-1	9		1.1~16.0	1 840 345~8647 198	3.13	-0.67	4.05
	qDTS9-2	9		85.1~98.8	23 410 492~77 255 078	10.86	-1.36	17.19
	qDTS1-1	1	E2	0.0~10.2	0~4 908 765	3.59	1.11	7.63
	qDTS3-1	3		25.0~47.5	3 709 235~16 413 990	2.79	1.02	5.85
	qDTS9-2	9		83.2~99.0	23 615 353~77 255 078	5.62	-1.42	12.35
	qDTS10-1	10		108.3~127.6	140 696 756~148 343 618	2.74	0.97	5.71

分析发现,不同环境下的定位结果差异较大,只有 2 个 QTL 在 2 个环境中均被检测到,大多数 QTL 只在单环境中被检测到,QTL 在多个环境下的重复性不高,这可能是由于试验的环境差异所致。相关研究也表明,环境的差异对生育期相关性状的影响较大,其中气温和光照是最主要的影响因素^[21]。本试验中 2 个环境条件下的播种时间以及地理位置等因素导致试验环境间的气温和光照差异较为明显,这可能是导致控制抽穗期等性状的基因定位结果存在差异的原因。

此外,众多研究者提出不同性状的 QTL 位置相同应该与表型数据的相关性有关^[22-23]。在本研究中生育期相关性状的表型数据在同一环境下高度正相关,而检测结果也出现了 QTL 成簇分布的现象,如于第 4 染色体相同区间检测到控制多个生育期相关性状的 QTL 簇,在第 9 染色体相同位置 78.1~99.8 cM 内检测到到多个 QTL 成簇分布(图 3)。

参考文献:

[1] 兰进好. 玉米开花期相关性状的 QTL 分析[J]. 西北植物学报,



黑色、红色和绿色图标分别代表抽穗期、散粉期和吐丝期 QTL

图3 玉米不同生育期 QTL 分布

2010,30(3):471-480.

- [2] 刘志斋,郭荣华,石云素,等. 中国玉米地方品种核心种质花期相关性状的表型多样性研究[J]. 中国农业科学,2008,41(6):1591-1602.
- [3] 胡彦民,吴欣,李翠香,等. 玉米制种花期相关性状的 QTL 分析[J]. 南京农业大学学报,2008,31(1):11-16.
- [4] 孙婷婷,姜昱,沈鑫,等. 利用 $F_{2:3}$ 群体对玉米花期相关性状的 QTL 分析[J]. 玉米科学,2013,21(2):42-46.
- [5] Veldboom L R, Lee M, Woodman W L. Molecular marker-facilitated studies in an elite maize population: I. Linkage analysis and determination of QTL for morphological traits[J]. Theoretical and Applied Genetics,1994,88(1):7-16.
- [6] Austin D F, Lee M. Genetic resolution and verification of quantitative trait loci for flowering and plant height with recombinant inbred lines of maize[J]. Genome,1996,39(5):957-968.
- [7] 公强,王天宇,谭学林,等. 玉米优异早熟种质单 330 开花相关性状的 QTL 分析[J]. 植物遗传资源学报,2006,7(4):437-441.
- [8] 李玉玲,李学慧,董永彬,等. 利用相同来源 $F_{2:3}$ 和 BC_2S_1 群体定位玉米生育期 QTL[J]. 华北农学报,2007,22(6):38-43.
- [9] Buckler E S, Holland J B, Bradbury P J, et al. The genetic architecture of maize flowering time[J]. Science,2009,325(5941):714-718.
- [10] Coles N D, McMullen M D, Balint-Kurti P J, et al. Genetic control of photoperiod sensitivity in maize revealed by joint multiple population analysis[J]. Genetics,2010,184(3):799-812.
- [11] Thornsberry J M, Goodman M M, Doebley J, et al. Dwarf8 polymorphisms associate with variation in flowering time[J]. Nature Genetics,2001,28(3):286-289.
- [12] Colasanti J, Tremblay R, Wong A Y M, et al. The maize INDETERMINATE1 flowering time regulator defines a highly conserved zinc finger protein family in higher plants[J]. BMC Genomics,2006,7:158.
- [13] Colasanti J, Yuan Z, Sundaresan V. The indeterminate gene encodes a zinc finger protein and regulates a leaf-generated signal required

for the transition to flowering in maize[J]. Cell,1998,93(4):593-603.

- [14] Salvi S, Sponza G, Morgante M, et al. Conserved noncoding genomic sequences associated with a flowering-time quantitative trait locus in maize[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America,2007,104(27):11376-11381.
- [15] Muszynski M G, Dam T, Li B L, et al. Delayed flowering1 encodes a basic leucine zipper protein that mediates floral inductive signals at the shoot apex in maize[J]. Plant Physiology,2006,142(4):1523-1536.
- [16] Wang D, Portis A R. Increased sensitivity of oxidized large isoform of ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase (rubisco) activase to ADP inhibition is due to an interaction between its carboxyl extension and nucleotide-binding pocket[J]. The Journal of Biological Chemistry,2006,281(35):25241-25249.
- [17] McCouch S R, Chen X, Panaud O, et al. Microsatellite marker development, mapping and applications in rice genetics and breeding[J]. Plant Molecular Biology,1997,35(1/2):89-99.
- [18] 曹浩飞,王彬,毛克举,等. 基于单片段代换系群体的玉米开花期性状 QTL 分析[J]. 河南农业大学学报,2014,48(1):6-10.
- [19] 高世斌,赵茂俊,潘光堂,等. 干旱胁迫与正常环境下控制玉米开花期性状的 QTL 鉴定[J]. 西南农业学报,2005,18(5):593-597.
- [20] 魏海忠,商伟,钟世宜,等. 利用重组自交系群体定位玉米生育期相关性状 QTL[J]. 玉米科学,2014,22(1):49-55.
- [21] 刘月娥. 玉米对区域光、温、水资源变化的响应研究[D]. 北京:中国农业科学院,2013.
- [22] Abler B S B, Edwards M D, Stuber C W. Isoenzymatic identification of quantitative trait loci in crosses of elite maize inbreds[J]. Crop Science,1991,31(2):267-274.
- [23] Paterson A H, Damon S, Hewitt J D, et al. Mendelian factors underlying quantitative traits in tomato: comparison across species, generations, and environments[J]. Genetics,1991,127(1):181-197.