

文章编号: 1005-0906(2014)01-0043-06

基于 ILs 玉米抗旱相关位点分析

张自愿^{1,2}, 李晶晶², 景建洲¹, 王利锋²,
曹言勇², 王浩², 李会勇²

(1. 郑州轻工业学院食品与生物工程学院, 郑州 450002; 2. 河南省农业科学院粮食作物研究所, 郑州 450002)

摘要: 选用抗旱性优良的玉米自交系郑独青为供体, 采用高代回交方法构建以自交系昌 7-2 为主要遗传背景的导入系群体, 通过 SSR 标记检测群体中供体等位基因的导入频率, 利用卡方检验对等位基因导入频率的偏离进行检测, 同时结合表型-基因型方差分析的方法, 对抗旱群体进行抗旱性相关位点分析。结果表明, 卡方检验发现显著位点 33 个, 方差分析检测到 24 个, 其中 15 个位点被两种方法同时检测到。

关键词: 玉米; 干旱胁迫; 产量相关性; 花期相关性; QIL 定位

中图分类号: S513.034

文献标识码: A

Analysis of Drought-resistant Loci by ILs in Maize

ZHANG Zi-yuan^{1,2}, LI Jing-jing², JING Jian-zhou¹, WANG Li-feng²,
CAO Yan-yong², WANG Hao², LI Hui-yong²

(1. School of Food and Bioengineering, Zhengzhou University of Light Industry, Zhengzhou 450002;

2. Cereal Crops Institute, Henan Academy of Agricultural Sciences, Zhengzhou 450002, China)

Abstract: ILs mapping populations deriving from Chang7-2 and Zhengduqing were constructed under drought stress. The population were used in the present study to detect genomic regions for drought tolerance at vegetative stage by the use of SSR markers and statistical methods such as χ^2 test and ANOVA, thirty-three belonged to allelic frequency-deviation loci detected by chi-square test and 24 were detected by analysis of variances (ANOVA) with data from progeny test in replicated experiments. Fifteen loci were detected both by chi-square test and ANOVA.

Key words: Maize; Drought stress; Yield-related trait; Flowering-related trait; QIL mapping

干旱胁迫是影响玉米生产的重要因素。通过构建遗传群体精细定位相关 QILs, 克隆相关基因, 并采用分子标记辅助选择技术选育抗旱高产品种是解决玉米干旱最有效的途径之一。国内外围绕玉米抗旱性, 利用分子数量遗传学的手段先后鉴别出一些抗旱 QIL^[1~3]。由于抗旱性的遗传和分子机制相当复杂, 受 QIL 间以及其与环境间的互作关系影响, 依靠这些 QIL 还不足以有效开展抗旱性的分子标记辅助选择。对于复杂性状的遗传分析, 高代回交群体尤其是近等基因系、回交重组近交系群体和导入系群体等用于 QIL 定位的研究越来越多, 其优点是

把基因发掘与性状改良过程相结合, 有助于对 QILs 精细定位和遗传效应深入研究。

本研究在对前期构建的大规模导入系群体及其亲本抗旱鉴定的基础上, 选用抗旱性强的玉米自交系郑独青作为供体材料, 结合高代回交育种与干旱条件下产量和花期性状的极端选择, 运用“遗传搭车作图”的原理和方差分析, 定位玉米的抗旱性相关位点, 为玉米抗旱分子育种提供信息和材料支撑。

1 材料与方法

1.1 导入系群体的构建

本试验将生产上广泛应用的玉米自交系昌 7-2 为轮回亲本, 与郑独青杂交 1 次, 回交 3 次, 自交 2 次, 得到 3 个 BC₃F₂ 代导入系。2011 年冬, 在海南自然干旱环境对 BC₃F₂ 代进行干旱胁迫处理(在播种后不再浇水), 将存活的 4 株 BC₃F₂ 代单株进行自交获得 BC₃F₃ 代种子。BC₃F₂ 和 BC₃F₃ 作为本研究试验基

收稿日期: 2013-06-18

基金项目: 国家玉米产业技术体系(CARS-02-05)、省院合作项目(112106000020)

作者简介: 张自愿(1986-), 在读硕士。E-mail: ziyuan86@qq.com

李会勇为本文通讯作者。E-mail: lihuiyong1977@126.com

础材料。

1.2 导入系群体抗旱性鉴定

2011 年冬,BC₃F₂ 代种植于海南省南繁基地,两行区,行长 5.0 m,行距 80 cm,株距 30 cm,昌 7-2 作为对照。2012 年春,BC₃F₃ 代种植于河南省水利科学研究院试验基地旱棚,两行区,行长 3.0 m,行距 40 cm,株距 30 cm,昌 7-2 作为对照。调查单株花期相关性状,包括抽雄期、散粉期、吐丝期、散粉-吐丝间隔期(ASI)。在玉米收获后考察单株产量相关性状,包括总重、粒重、百粒重、粒深、穗长、穗粗、穗行数、行粒数、轴重、轴粗,调查标准参照文献[4]。

1.3 基因型分析

根据 MaizeGDB(<http://www.maizegdb.org>)公布的 IBM 图谱,从均匀覆盖全基因组的 360 对 SSR 标记中在亲本昌 7-2 和郑独青间进行多态性检测,与昌 7-2 相同的纯合等位基因型记为 A,与郑独青相同的纯合等位基因型记为 B。

1.4 统计分析

利用获得的基因型数据对各个区段供体等位基因频率 BC₃ 代预测值(0.062 5)的偏离情况进行计算,

以卡方测验作近似的显著性检测,显著水平为 0.005。利用 SAS PROC GLM 分别对选择后代在干旱条件下的单株产量和花期相关性状与标记基因型进行方差分析,显著性水平设置为 0.01。

利用性状-标记间单向方差分析对导入系群体的 12 个目标性状进行 QTL 定位。当 QTL 效应的 *P* 值 ≤ 0.000 5 时,认为 QTL 存在;如果邻近位点间图距较近,就初步认定是同一个 QTL。显性度 = 显性效应值 / 加性效应值, DR = 0.21 ~ 0.80 为正向部分显性; DR = 0.8 ~ 1.20 为正向显性方式; DR > 1.20 时为正向超显性方式。数值在相应的负值区间,则表示与之对应的负向作用方式。

2 结果与分析

2.1 导入系 BC₃F₂ 和 BC₃F₃ 代产量相关性状鉴定

BC₃F₂ 代的 3 个家系中,除编号 210 家系部分性状外,其余两个家系的产量相关性状平均值均高于对照昌 7-2。其中,与对照相比,编号 208 家系各产量相关性状都达到了极显著水平(表 1)。在 BC₃F₂ 代筛选出综合表现最突出 4 个抗旱单株。

表 1 BC₃F₂ 群体产量相关性状表型分析

Table 1 Phenotypic analysis of yield-related traits for the BC₃F₂ population

材料代号 Material code	项 目 Item	总重 (g) Total weight	粒重 (g) Seed weight	百粒重(g) 100-grain weight	粒深 (cm) Seed length	穗长 (cm) Ear length	穗粗(cm) Ear diameter	穗行数 (行) Rows of ear	行粒数(粒) Grains per row	轴粗(cm) Cob diameter	轴重 (g) Cob weight
208	平 均	84.93**	70.98**	23.35*	0.49**	10.50**	4.25**	16.00**	21.50**	3.27**	12.57**
	标准误差	10.22	8.50	1.66	0.07	0.95	0.17	0.89	1.93	0.12	1.86
209	平 均	48.39**	39.22**	22.89*	0.37	8.67*	3.75	14.33	15.33	3.10	8.05
	标准误差	3.35	2.50	3.71	0.07	0.40	0.11	0.33	2.04	0.10	1.69
210	平 均	37.17	28.76	18.67	0.40	7.70	3.60	12.40	12.80	3.00	7.46
	标准误差	6.21	6.43	1.23	0.05	0.60	0.10	0.75	1.96	0.09	1.07
昌 7-2	平 均	40.60	33.49	21.81	0.31	7.42	3.67	13.67	13.67	2.45	6.80
	标准误差	5.49	5.42	1.22	0.14	0.54	0.25	1.41	1.20	0.09	0.26

注: **、* 分别表示在 1%、5% 水平上显著。下表同。

Notes: ** and * indicated significant at 1% and 5% level, respectively. The same below.

考察 4 份 ILs 自交后代 BC₃F₃ 的产量和花期相关性状(表 2), 结果表明, 4 个自交家系的抽雄期、散粉期、吐丝期及 ASI 比对照显著缩短; 所有产量相关性状远远高于轮回亲本表型值, 并达到极显著水平。通过对 BC₃F₃ 代的抗旱性评价, 表明 BC₃F₂ 所选抗旱单株抗旱性强并且稳定。

2.2 亲本间多态性引物筛选及导入片段统计

从均匀覆盖全基因组的 360 对 SSR 标记, 共检测到 116 对在亲本之间有多态性的引物。多态性引

物在各染色体上的分布数目和多态性比例存在较大差别(表 3), 引物数目在 8(chr7、chr10) ~ 22(chr1) 之间, 多态性比例变化范围为 26.3% (chr9) ~ 40.7% (chr1), 第 1 染色体的多态性比例较平均值高出 8.5%。

编号 208 的 4 个家系中共检测出 119 个导入片段, 不同染色体之间的导入片段变化范围较大, 数目在 5(chr5) ~ 22(chr1) 之间。其中, 第 1、2、3 染色体上导入片段数目较多, 分别为 22、20、16 个, 在一定程

度上反映该 3 条染色体对玉米的抗旱性具有紧密的 片段数目较少,分别只有 5、6 个。
关系,对抗旱性研究意义较大;第 5、7 染色体上导入

表 2 BC₃F₃ 群体产量和花期相关性状表型分析
Table 2 Phenotypic analysis of yield and flowering related traits for the BC₃F₃ population

材料代号 Material code	项 目 Item	总重(g) Total weight	粒重(g) Seed weight	百粒重(g) 100-grain weight	粒深(cm) Seed length	穗长(cm) Ear length	穗粗(cm) Ear diameter	穗行数(行) Rows of ear
208-2	平 均	69.37**	58.58**	26.75**	0.58**	10.38**	4.24**	14.63**
	标准误差	4.81	4.45	0.82	0.08	0.36	0.07	0.61
208-5	平 均	75.82**	64.69**	26.17**	0.72**	10.92**	4.31**	14.6**
	标准误差	8.08	7.36	0.86	0.02	0.65	0.10	1.02
208-7	平 均	66.81**	55.46**	25.18**	0.57**	11.00**	4.16**	14.00**
	标准误差	6.43	5.94	1.46	0.07	0.58	0.16	0.92
208-8	平 均	71.51**	61.08**	28.41**	0.67**	10.35**	4.38**	13.85**
	标准误差	10.49	9.49	1.55	0.06	0.92	0.22	1.16
昌 7-2	平 均	16.07	12.45	15.60	0.30	5.62	3.00	9.00
	标准误差	2.22	2.34	0.45	0.04	0.53	0.03	1.00

材料代号 Material code	项 目 Item	行粒数(粒) Grains per row	轴重(g) Cob diameter	轴粗(cm) Cob weight	抽雄期(d) DTT	散粉期(d) DTP	吐丝期(d) DTS	散粉-吐丝间隔(d) ASI
208-2	平 均	20.50**	9.65**	3.24**	51.51*	54.85*	56.42*	1.08**
	标准误差	0.76	0.56	0.43	0.41	0.50	0.46	0.22
208-5	平 均	22.8**	9.91**	2.86**	51.73*	55.10	56.72*	1.72*
	标准误差	1.24	0.98	0.07	0.70	0.82	0.76	0.33
208-7	平 均	21.13**	10.29**	2.95**	48.67**	51.71**	52.98**	1.17**
	标准误差	1.41	0.77	0.08	0.42	0.35	0.49	0.30
208-8	平 均	18.42**	9.52**	3.02**	48.83**	51.64**	53.00**	1.84*
	标准误差	1.19	1.10	0.13	0.68	0.45	0.81	0.52
昌 7-2	平 均	8.60	3.41	2.04	55.23	57.23	60.91	2.56
	标准误差	1.54	0.49	0.04	0.50	0.48	0.60	0.40

表 3 亲本间多态性引物筛选
Table 3 Screening of SSR primer pairs between the parents

项 目 Item	chr1	chr2	chr3	chr4	chr5	chr6	chr7	chr8	chr9	chr10	合 计 Total
单态引物(个)	32	26	25	29	26	21	15	23	28	19	244
多态引物(个)	22	13	13	12	9	10	8	11	10	8	116
总计(个)	54	39	38	41	36	31	23	34	38	27	360
多态比例(%)	40.7	33.3	34.2	29.2	25.7	32.3	34.7	32.3	26.3	29.6	32.2
导入片段数(个)	22	20	16	10	5	10	6	10	12	8	119

2.3 卡方测验

以 116 对多态性 SSR 引物,对 BC₃F₃ 代导入群体各标记位点基因的分离比进行卡方测验,共检测出 33 个显著的标记位点,分布在除第 6、7 染色体之外的 8 条染色体上。显著标记位点在各染色体上的分布数目、导入频率以及卡平方值存在较大差别(表4),标记位点数目在 1(chr5)~10(chr1)之间,导入

频率的范围在 0.42~0.81 之间,卡平方值的范围在 12.89~390.03 之间。进一步分析发现,导入频率显著提高的位点主要集中于染色体的部分区域,如第 1 染色体 1.01、1.05、1.09-1.10 位置,第 2 染色体 bin2.00-2.02 位置,第 3 染色体 bin3.06-3.07 位置等(图 1)。这些染色体区段可能与玉米抗旱性具有紧密的关系。

表 4 SSR 标记在 BC₃F₃ 代导入片段频率和卡平方显著性检验
Table 4 Introgressed genomic segments for drought tolerance detected in ILs

标 记 Marker	染色体区段 Chromosome bin	基因频率 Gene frequency		卡平方值 χ^2 value	显著性 Significance	标 记 Marker	染色体区段 Chromosome bin	基因频率 Gene frequency		卡平方值 χ^2 value	显著性 Significance
		A	B					A	B		
bnlg1179	1.01	0.52	0.48	169.85	**	umc2381	3.07	0.49	0.51	158.16	**
umc1106	1.01	0.74	0.26	23.11	**	bnlg1754	3.09	0.55	0.45	132.53	**
umc2224	1.01	0.75	0.25	17.52	**	phi295450	4.01	0.74	0.26	23.11	*
umc1568	1.02	0.75	0.25	15.19	**	umc1329	4.06	0.46	0.54	176.03	**
umc1297	1.05	0.76	0.24	12.89	**	umc1039	4.08	0.79	0.21	21.06	*
umc1703	1.05	0.76	0.24	15.08	**	umc1101	4.09	0.73	0.27	25.54	**
umc1323	1.05	0.76	0.24	15.61	**	umc2115	5.02	0.45	0.55	146.73	**
umc1395	1.05	0.77	0.23	13.19	*	umc1868	8.02	0.74	0.26	18.45	*
umc2047	1.09	0.49	0.51	182.66	**	phi080	8.08	0.64	0.36	52.76	**
phi308707	1.10	0.78	0.22	14.11	*	umc1231	9.05	0.81	0.19	35.47	**
umc2246	2.00	0.72	0.28	23.16	**	umc1733	9.06	0.73	0.27	22.59	**
umc1165	2.00	0.48	0.52	156.03	**	bnlg1506	9.07	0.81	0.19	50.66	**
bnlg1017	2.02	0.48	0.52	158.81	**	mnc0501	10.02	0.76	0.24	22.66	**
umc1934	2.02	0.76	0.24	18.24	*	phi050	10.03	0.53	0.47	130.47	**
umc1773	3.04	0.76	0.24	15.08	**	umc2122	10.06	0.74	0.26	17.24	*
umc2127	3.05	0.70	0.30	28.93	*	bnlg1360	10.07	0.42	0.58	390.03	**
umc1174	3.05	0.76	0.24	13.45	*						

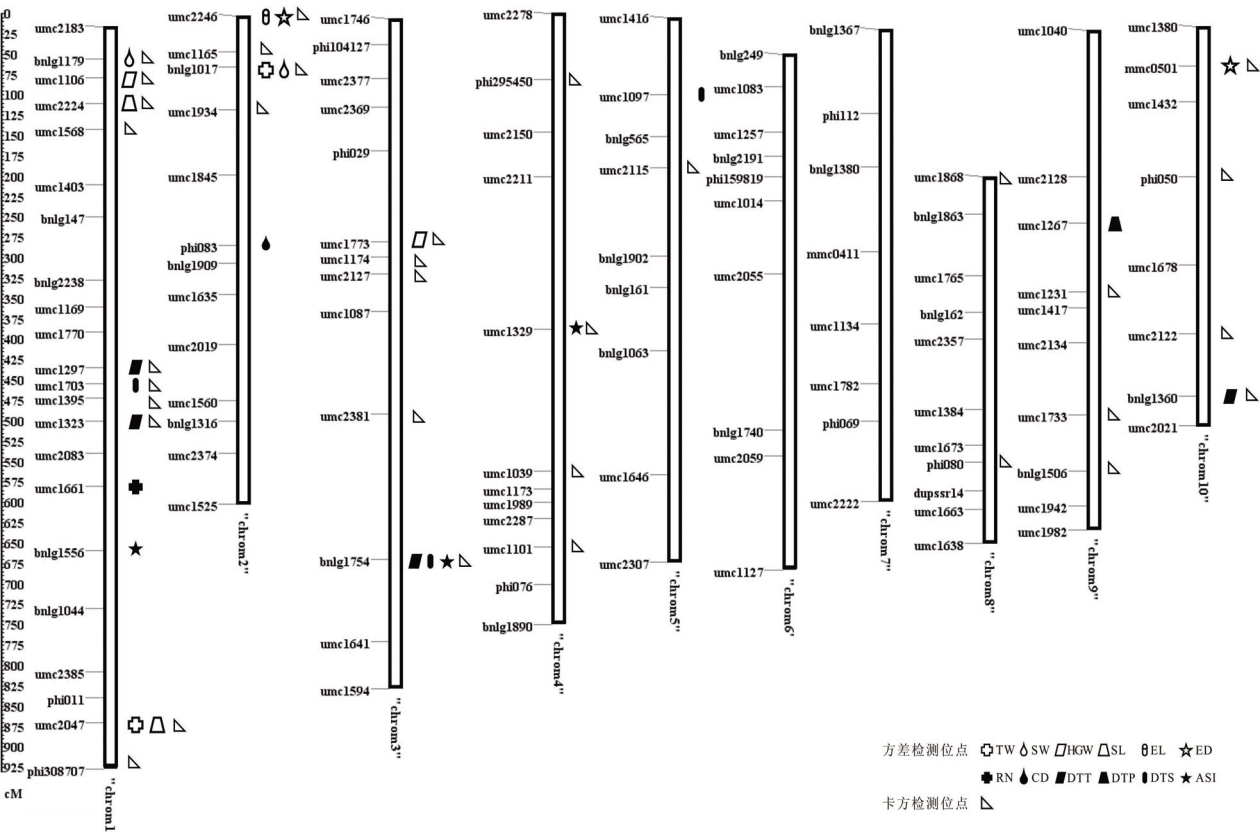


图 1 抗旱导入系中利用卡方测验并结合方差分析的方法检测到抗旱性位点的染色体分布
Fig.1 Distribution of drought resistant loci detected by chi-square test and analysis of variances(ANOVA) on the chromosome

2.4 方差分析

通过对干旱胁迫下产量相关性状和基因型的方差分析,在 0.01 的显著水平下共检测到 13 个位点。其中,7 个是正向超显性,3 个是正向显性,2 个是负向超显性,1 个是负向部分显性。*qTW1*、*qTW2*、*qSW2*、*qSL1-2*、*qEL2*、*qED2* 均为超显性,并表现出极大的表型贡献率。同时,在这些方差分析检测到的位点中,有 12 个与卡方测验发现的超导入位点相

吻合。

花期相关性状和基因型的方差分析,在显著水平下共检测到 11 个位点。其中,1 个正向超显性,3 个负向超显性,4 个负向部分显性,3 个负向显性。*qDTT1-1*、*qDTT1-2*、*qAS11*、*qAS13*、*qAS14* 均为负向显性或超显性,并且表现出较高的贡献率。在这些方差分析检测到的位点中,有 9 个与卡方测验检测到的超导入位点相吻合。

表 5 昌 7-2×郑独青 BC₃F₃ 代抗旱 QTL

Table 5 Putative QTL for drought related traits detected in the BC₃F₃ of Chang7-2×Zhengduqing population

性状 Trait	QTL	染色体 Chr.	连锁标记 Linkage marker	LOD 值 LOD	贡献率(%) PVE	加性效应 Add	显性效应 Dom	显性度 D/ A
总重	<i>qTW1</i>	1	umc2047	2.87	38.35	-7.27	20.35	2.80
	<i>qTW2</i>	2	bnlg1017	3.55	34.68	-5.64	13.87	2.46
粒重	<i>qSW1</i>	1	bnlg1179	2.64	27.42	16.12	-12.09	-0.75
	<i>qSW2</i>	2	bnlg1017	3.10	32.10	-5.26	6.36	1.21
百粒重	<i>qHGW1</i>	1	umc1106	2.68	31.28	-5.30	5.19	0.98
	<i>qHGW3</i>	3	umc1733	2.62	28.39	-4.40	4.79	1.09
粒深	<i>qSL1-1</i>	1	umc2224	2.66	27.34	-0.13	0.11	0.85
	<i>qSL1-2</i>	1	umc2047	5.63	42.23	-0.02	-0.05	-2.50
穗长	<i>qEL2</i>	2	umc2246	4.27	32.15	-0.61	1.56	2.57
	<i>qED2</i>	2	umc2246	2.54	25.93	-0.10	0.29	2.96
穗粗	<i>qED10</i>	10	mmc0501	2.76	56.59	-0.28	0.75	2.68
	<i>qRN1</i>	1	umc1661	2.51	25.80	-0.97	-2.83	-2.92
轴粗	<i>qCD2</i>	2	phi083	2.62	21.43	0.12	0.15	1.33
	<i>qDTT1-1</i>	1	umc1297	7.00	34.12	-1.81	-1.75	-0.97
DTT	<i>qDTT1-2</i>	1	umc1323	2.54	33.95	2.06	-3.89	-1.89
	<i>qDTT3</i>	3	bnlg1754	2.57	22.56	-1.66	-0.89	-0.54
	<i>qDTT10</i>	10	bnlg1360	2.50	24.95	-2.33	-1.86	-0.80
	<i>qDTP9</i>	9	umc1267	7.39	43.29	3.34	-1.80	-0.54
DTP	<i>qDTS1</i>	1	umc1703	4.44	20.72	-1.65	-1.18	-0.72
	<i>qDTS3</i>	3	bnlg1754	3.30	25.67	-1.75	-1.55	-0.89
DTS	<i>qDTS5</i>	5	umc1097	2.91	12.90	0.40	1.14	2.85
	<i>qAS11</i>	1	bnlg1556	2.83	32.55	2.11	-2.32	-1.10
	<i>qAS13</i>	3	bnlg1754	4.33	32.64	1.17	-1.14	-0.98
	<i>qAS14</i>	4	umc1329	2.79	32.44	2.24	-2.64	-1.18

3 结论与讨论

本研究利用连续回交选育的导入系群体,在干旱胁迫下获得 4 个优于轮回亲本的抗旱导入系,入选群体较多地保留了与抗旱性有关的有利等位基因。在以往研究中应用的作图群体主要针对有分离变异的群体,由于定向选择导致群体的规模小、等位基因频率偏离严重,无法进行传统的连锁作图分析。本研究借助玉米遗传图谱及相对位置明确的 SSR 标记,利用基于遗传搭车(Genetic hitch-hiking)原理^[5]

的卡方测验与方差分析(ANOVA)相结合,挖掘抗旱性选择群体相关位点,所得到的结果与以往的研究结果相接近。

与前人研究发现的抗旱性位点所在的区域对比来看,其中有 5 个位点与本研究的结果相吻合^[6~9],如 *qSW2*、*qAS11*、*qDTS3*、*qDTS5* 和 *qAS14*,在一定程度上体现了检测的可靠性。同时,也有一些位点是首次报道,特别是 *qTW1*、*qTW2*、*qSL1-2*、*qEL2*、*qED2* 和 *qED10*,很可能是干旱胁迫下与产量直接相关的新抗旱性位点,*qDTT1-1*、*qDTT1-2*、*qAS13* 很可能与

花期相关性状直接相关。

本研究中利用卡方测验共发现 33 个与抗旱性相关的导入位点,多于方差分析位点(24 个),剔除重复位点(一因多效),二者之间有 15 个位点相同,说明卡方测验所发现的部分位点确实与产量和花期性状相关。同时,方差分析检测到的位点如 *qCD2*、*qDTS5*、*qDTP9*, 则完全没有检测到显著的等位基因频率偏离,因此,无法利用简单的表型选择,应通过改变群体的基因频率来加以改良。

许多研究发现,控制不同性状的 QIL 可定位在相同或相近的染色体区域,成为一个密集的 QIL 簇,它能够为目标性状直接相关的位点带来有利等位基因,一些间接相关的位点也同样受到选择的影响。本研究也发现几个这样的重要染色体区段,分别位于 bin1.01、1.05、1.07、1.09–1.10、2.00–2.02、3.06–3.08 区段。通过后代鉴定和分子标记辅助选择可以对这些导入片段加以合理的利用,其中,在第 1 染色体上 bin1.01–1.02 区间内的 QIL 簇与 Rahman 等^[10]和 Zhu 等^[11]在干旱胁迫下定位到与产量相关的主效 QIL 以及陈志辉等^[12]在该区域控制千粒重和产量的 QIL 簇重叠,这表明该区域确实是与抗旱相关性状 QIL 密集的一个热点区域,说明利用选择性导入系来定位重要性状的候选基因组区域是可行的。

抗旱导入系的抗旱性较轮回亲本都有了很大提高。抗旱性提高的原因一方面来自供体亲本导入的主效抗旱基因,另一方面由于供体亲本基因导入形成的新基因间的互作。无论哪种作用方式,群体抗旱性的提高都是由于供体亲本遗传片段的导入所引起的。本研究中检测显著的导入位点中大多数属于供体超导入的类型也证明了这一点,并显示了这些遗传区域对玉米抗旱性的重要作用。

参考文献:

- [1] Rainer M, Yvan F, Marianne B, et al. Drought stress and tropical maize: QIL by environment interactions and stability of QILs across environments for yield components and secondary traits[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2009, 119(5): 913–930
- [2] 郝转芳,李新海,张世煌. 玉米耐旱 QIL 定位研究进展[J]. 玉米科学, 2007, 15(2): 049–052.
- [3] Hao Z F, Li X H, Zhang S H. Advances of QIL mapping for drought-tolerance on maize(*Zea mays* L.)[J]. Journal of Maize Sciences, 2007, 15(2): 049–052. (in Chinese)
- [4] Li W J, Liu Z Z, Shi Y S, et al. Detection of consensus genomic region of QILs relevant to drought-tolerance in maize by QIL meta-analysis and bioinformatics approach[J]. Acta Agronomica Sinica, 2010, 36(9): 1457–1467.
- [5] 石云素. 玉米种质资源描述规范和数据标准[M]. 北京: 中国农业出版社, 2006.
- [6] Harr B, Kauer M, Schlotterer C. Hitchhiking mapping: a population-based fine-mapping strategy for adaptive mutations in *Drosophila melanogaster*[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2002, 99: 12949–12954.
- [7] 李雪华,李新海,郝转芳,等. 干旱条件下玉米耐旱相关性状的 QIL 一致性图谱构建[J]. 中国农业科学, 2005, 38(5): 882–890.
- [8] Li X H, Li X H, Hao Z F, et al. Consensus map of the QIL relevant to drought tolerance of maize under drought conditions[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2005, 38(5): 882–890. (in Chinese)
- [9] 代国丽,蔡一林,徐德林,等. 玉米穗部性状的 QIL 定位[J]. 西南师范大学学报(自然科学版), 2009, 34(5): 133–138.
- [10] Dai G L, Cai Y L, Xu D L, et al. QIL mapping for ear traits in maize (*Zea Mays* L.)[J]. Journal of Southwest China Normal University(Natural Science Edition), 2009, 34(5): 133–138. (in Chinese)
- [11] Ribaut J M, Ragot M. Marker-assisted selection to improve drought adaptation in maize: The backcross approach, perspectives, limitations, and alternatives[J]. Journal of Experimental Botany, 2007, 58(2): 351–360.
- [12] 王 迪,李永祥,王 阳,等. 基于两个相关群体的玉米花期相关性状 QIL 定位[J]. 中国农业科学, 2010, 43(13): 2633–2644.
- [13] Wang D, Li Y X, Wang Y, et al. QIL analysis of flowering-related traits in maize using two connected populations[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2010, 43(13): 2633–2644. (in Chinese)
- [14] Rahman H, Pekic S, Lazic-Jancic V, et al. Molecular mapping of quantitative trait loci for drought tolerance in maize plants[J]. Genetics and Molecular Research, 2011, 10(2): 889–901.
- [15] Zhu J J, Wang X P, Sun C X, et al. Mapping of QIL Associated with Drought Tolerance in a Semi-Automobile Rain Shelter in Maize(*Zea mays* L.)[J]. Agricultural Sciences in China, 2011, 10(7): 987–996.
- [16] 陈志辉,曹钟洋,汤 彬,等. 大田环境下玉米抗旱相关性状 QIL 定位[J]. 华北农学报, 2012, 27(1): 79–86.
- [17] Chen Z H, Cao Z Y, Yang B, et al. Mapping QIL for several drought related traits in maize under field condition[J]. Acta Agriculturae Borreali-Sinica, 2012, 27(1): 79–86. (in Chinese)

(责任编辑:朴红梅)