

引用格式:

胡超, 刘玲, 熊佳铭, 袁红亮, 于玉凤, 王悦. 水稻光合色素含量的变异分析及 QTL 定位[J]. 湖南农业大学学报(自然科学版), 2023, 49(4): 383–388.

HU C, LIU L, XIONG J M, YUAN H L, YU Y F, WANG Y. Analysis of variation and QTL mapping for photosynthetic pigment content in rice[J]. Journal of Hunan Agricultural University(Natural Sciences), 2023, 49(4): 383–388.

投稿网址: <http://xb.hunau.edu.cn>



水稻光合色素含量的变异分析及 QTL 定位

胡超¹, 刘玲², 熊佳铭¹, 袁红亮¹, 于玉凤¹, 王悦^{1*}

(1.湖南农业大学农学院, 湖南长沙 410128; 2.湖南农业大学教育学院, 湖南长沙 410128)

摘要: 以光合色素含量差异较大的籼稻 RT 和籼稻 SC 及其杂交衍生的 RIL 群体为材料, 运用相关分析、主成分分析、聚类分析等方法对 4 个光合色素性状(叶绿素 a、叶绿素 b、叶绿素 a/b 和总叶绿素)进行综合分析和 QTL 定位。相关性分析结果表明, 4 个光合色素性状间均呈极显著正相关, 叶绿素 a 与总叶绿素含量的相关系数最高。主成分分析结果表明, 对光合色素含量影响较大的性状有叶绿素 a 和总叶绿素含量。聚类分析结果表明, 可将 239 个株系分为 3 大类群, 第 I 类群、第 II 类群、第 III 类群的平均光合色素含量依次降低。运用复合区间作图法共检测到 4 个与控制光合色素性状相关的 QTL, 分布于水稻第 4 和第 8 染色体上, LOD 值为 2.01~3.14, 表型贡献率的分布范围为 4.52%~7.08%, 加性效应均为正值, 其中, 在第 8 染色体 RM6155 至 RM23446 区间发现 1 个 QTL 簇, 聚集了控制叶绿素 a、叶绿素 a/b 和总叶绿素 3 个性状的 QTL, 该区间是影响光合色素性状的 1 个重要染色体区域, 检测到的 *qChla-8*、*qChla/b-4*、*qChla/b-8* 和 *qChlt-8* 可能为调控光合色素的新 QTL 位点。

关键词: 水稻; 光合色素; 主成分分析; 聚类分析; QTL 定位

中图分类号: S511.01

文献标志码: A

文章编号: 1007-1032(2023)04-0383-06

Analysis of variation and QTL mapping for photosynthetic pigment content in rice

HU Chao¹, LIU Ling², XIONG Jiaming¹, YUAN Hongliang¹, YU Yufeng¹, WANG Yue^{1*}

(1.College of Agronomy, Hunan Agricultural University, Changsha, Hunan 410128, China; 2.College of Education, Hunan Agricultural University, Changsha, Hunan 410128, China)

Abstract: This study utilizes RT, SC, and RIL populations derived from hybrids exhibiting substantial variations in photosynthetic pigment content. The aim was to investigate correlations and QTL mapping among four photosynthetic pigment traits(chlorophyll a, chlorophyll b, chlorophyll a/b and total chlorophyll) through correlation analysis, principal component analysis and cluster analysis. Correlation analysis revealed notable positive correlations among the four photosynthetic pigment traits, with the highest correlation coefficient observed between chlorophyll a and total chlorophyll content. Principal component analysis highlighted chlorophyll a and total chlorophyll content as pivotal factors significantly influencing photosynthetic pigment levels. Cluster analysis categorized 239 strains into three distinct groups, with their average photosynthetic pigment contents of Group I, Group II, Group III decreased successively. Furthermore, employing the composite interval mapping method, four QTLs associated with photosynthetic pigment content were identified. These QTLs were located on rice chromosomes 4 and 8. The LOD values ranged from 2.01 to 3.14, and phenotypic contribution rates ranged from 4.52% to 7.08%. Importantly, all additive effects were positive. A noteworthy QTL cluster was found on chromosome 8, encompassing the RM6155 to RM23446 markers. This cluster controlled chlorophyll a, chlorophyll a/b, and total chlorophyll traits, signifying a

收稿日期: 2022-12-15

修回日期: 2023-07-06

基金项目: 国家重点研发计划项目(2017YFE0194900); 湖南省自然科学基金项目(2020JJ4360); 湖南省教育厅项目(19A220)

作者简介: 胡超(1999—), 男, 湖南永州人, 硕士研究生, 主要从事水稻抗病抗逆生理机制研究, 1319710963@qq.com; *通信作者, 王悦, 博士, 副教授, 主要从事水稻抗病抗逆生理机制研究, wangyue515@163.com

pivotal chromosomal region influencing photosynthetic pigment characteristics. Additionally, this study discovered new QTL sites regulating photosynthetic pigments, including *qChla-8*, *qChla/b-4*, *qChla/b-8* and *qChlt-8*.

Keywords: rice; photosynthetic pigment; principal component analysis; cluster analysis; QTL mapping

水稻产量主要来自于叶片光合作用的产物,其光合量占植株总量的90%以上^[1]。叶片中的光合色素在光合作用的光吸收、传递和转换中起着关键作用,其含量高低直接决定植物光合能力的强弱。叶绿素含量是决定光合潜力和初级生产能力的重要因素^[2-3]。彭志芸等^[4]研究表明,在一定范围内,叶绿素含量与光合速率呈正相关。叶绿素 a 有利于吸收长波长光,叶绿素 b 有利于吸收短波长光,叶绿素 a/b 与光合器官的发育状态及光合活性相关。有研究^[5]表明,栽培稻的总叶绿素含量和叶绿素 a/b 高于近缘野生稻,在饱和光强下,栽培稻的光合作用也较野生稻的强。栽培稻不同基因型的最大光合速率及叶绿素含量也存在显著差异^[6]。

前人^[7-9]研究发现,水稻光合色素含量的遗传机制相对复杂,受多个 QTL 调控,为典型的数量性状,同时存在显著的环境效应。研究人员对不同环境和不同生育时期的水稻总叶绿素相关性状进行了一系列的 QTL 定位研究,已经报道了 618 个与水稻光合色素相关的 QTL,其中 73 个与叶绿素 a 含量相关,52 个与叶绿素 b 含量相关,22 个与叶绿素 a/b 比值相关,465 个与总叶绿素含量相关,6 个与类胡萝卜素含量相关^[10]。ISHIMARU 等^[11]利用 BC₁F₇ 群体,对叶绿素 a、叶绿素 b、叶绿素 a/b 和总叶绿素含量进行 QTL 分析,共检测到 12 个相关 QTL。JIANG 等^[12]利用 5 个不同作图群体,对抽穗期和抽穗期 30 d 后的叶绿素 a、叶绿素 b 含量进行 QTL 分析,共检测到 60 个相关的 QTL,分布在除第 10 染色体外的其余 11 条染色体上,LOD 值为 2.04~27.45,单个 QTL 解释的表型贡献率为 2.59%~27.45%。阿加拉铁等^[13]利用 DH 群体对水稻灌浆期 4 个不同阶段的叶绿素含量进行 QTL 分析,共检测到 7 个相关 QTL,分布于第 2、4、6 和 8 染色体上,单个 QTL 解释的贡献率为 8.6%~50.1%,在后期的剑叶中检测到 *qCHL6-1* 和 *qCHL6-2*。HUANG 等^[14]利用 DH 群体对水稻上三叶的相对叶绿素含量进行 QTL 分析,在灌浆期共检测到 61 个相关 QTL,单个 QTL 解释的表型贡献率为 2.9%~26.9%。

前人对水稻光合色素的 QTL 定位研究多集中于相对叶绿素含量(SPAD)或总叶绿素含量性状,对于其他光合色素的定位研究相对较少,利用多元统计方法综合评价水稻光合色素性状的报道也较少。本研究中,利用 RIL 群体,对叶绿素 a 含量、叶绿素 b 含量、叶绿素 a/b 和总叶绿素含量等 4 个光合色素性状进行综合评价和 QTL 分析,旨在发掘一些新的、稳定的光合色素含量相关位点,为水稻光合色素含量的遗传改良提供育种材料。

1 材料与方法

1.1 材料

以粳型水稻重组自交系群体(F₇)及其亲本为供试材料。该 RIL 群体以粳稻 SC 为母本,以籼稻 RT 为父本,二者杂交得到 F₁代;F₁代植株套袋自交得到 F₂代;再采用单籽传法,衍生得到 F₇代。F₇代 RIL 群体共包含 239 个株系。各代株系稻穗开花前均套袋自交,每年繁殖 2 代,分别在湖南长沙和海南三亚完成。

1.2 方法

2021 年在湖南农业大学浏阳实习基地实验田种植 RIL 群体及其亲本。2021 年 5 月 1 日播种,6 月 1 日移栽,每个株系种植 5 行,每行 5 株,单本栽插,株行距为 25 cm×25 cm。其他田间管理参照当地的生产田。

1.2.1 性状调查

于分蘖期在每份材料中随机选取中间植株 3~5 片主茎倒二叶,以叶片中间部分为测定部位,在去除主叶脉后,将叶片剪成 2~3 mm 的细丝状小碎片,称取 0.1~0.2 g,浸泡于 10 mL 95%无水乙醇中,放置于 4 ℃冰箱中暗处理 48 h。采用 U-331 型紫外分光光度计(日本日立公司出品)分别在 649、665 nm 波长下测定光合色素含量。每个株系测定 3 次,结果取平均值,参照方希林等^[15]的方法计算各光合色素含量。

1.2.2 数据分析

采用 Excel 2016 进行数据整理;运用 SPSS 26.0 进行数据分析;采用 Origin 2021 绘图。

1.2.3 连锁图谱构建与 QTL 定位

利用 Windows QTL Cartographer 2.5 结合 WANG 等^[16]建立的分子标记连锁图谱, 检测光合色素含量相关 QTL, 并计算贡献率、加性效应等。QTL 命名遵循 MCCOUCH 等^[17]的原则, 将 LOD 值超过 2.0 的位点作为得到的 QTL 结果。

2 结果与分析

2.1 水稻 RIL 群体及其亲本的光合色素含量表型变异分析

由表 1 可知, 叶绿素 a、叶绿素 b、总叶绿素含量和叶绿素 a/b 在 2 个亲本间均表现出明显差

异。4 个光合色素性状均表现出超亲分离现象, 变异系数为 12.74%~25.58%。其中, 叶绿素 a/b 的变异系数最小, 为 12.74%; 叶绿素 a 含量的变异系数最大, 为 25.58%; 总叶绿素含量的分布范围最广, 为 1.69~6.33 mg/g。4 个光合色素性状的偏度绝对值均小于 1, 叶绿素 a、叶绿素 b 和总叶绿素含量的峰度绝对值均大于 1, 叶绿素 a/b 的峰度绝对值小于 1。4 个光合色素性状的分布频率均表现为连续性变异的正态分布(图 1)。上述结果表明叶绿素 a、叶绿素 b、总叶绿素含量和叶绿素 a/b 均是受多基因调控的数量性状, 符合 QTL 作图的要求。

表 1 RIL 群体及其亲本的表型变异

Table 1 Phenotypic variation analysis result of RIL population and its parents

指标	叶绿素 a 含量/(mg g ⁻¹)			叶绿素 b 含量/(mg g ⁻¹)		
	RT	SC	RIL 群体	RT	SC	RIL 群体
均值±标准差	2.52±0.09	1.79±0.10	1.96±0.50	1.57±0.06	1.24±0.06	1.39±0.23
分布范围	0.84~4.01			0.83~2.32		
变异系数/%	25.58			16.42		
偏度	0.30			0.41		
峰度	1.51			1.30		

指标	叶绿素 a/b			总叶绿素含量/(mg g ⁻¹)		
	RT	SC	RIL 群体	RT	SC	RIL 群体
均值±标准差	1.59±0.01	1.43±0.02	1.40±0.18	4.09±0.15	3.29±0.11	3.35±0.72
分布范围	0.86~1.76			1.69~6.33		
变异系数/%	12.74			21.47		
偏度	-0.86			0.36		
峰度	0.67			1.52		

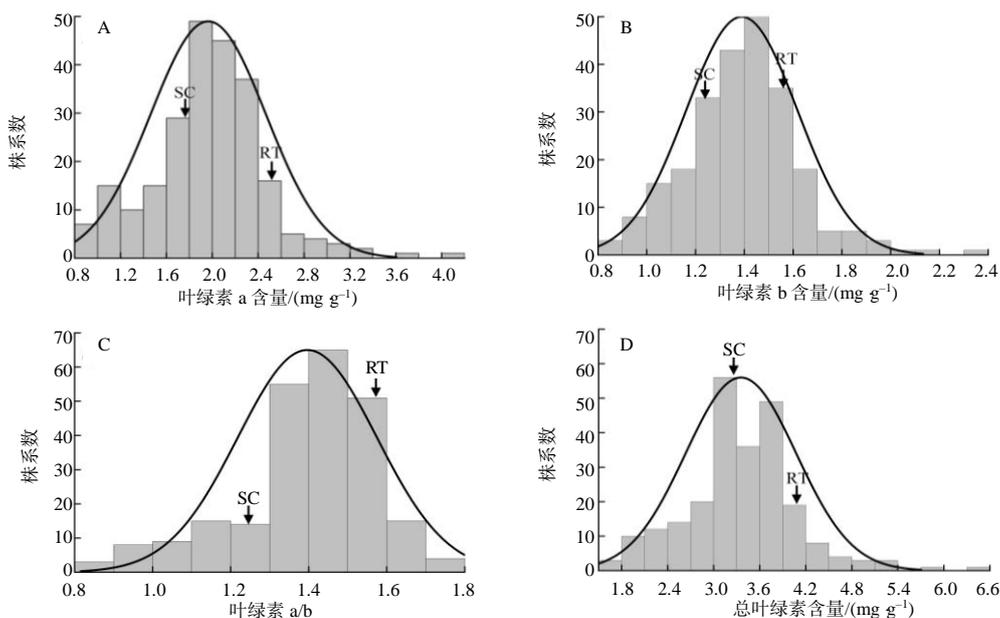


图 1 RIL 群体光合色素性状的分布频率

Fig.1 Frequency distribution of photosynthetic pigment content in RIL population

2.2 水稻 RIL 群体光合色素的相关性分析

对 RIL 群体的光合色素性状进行相关性分析,结果(表 2)表明,4 个光合色素性状间均呈极显著正相关,相关系数为 0.62~0.99。其中,叶绿素 a 与总叶绿素含量的相关性最大,相关系数为 0.99;叶绿素 a/b 与叶绿素 b 含量的相关性最小,相关系数为 0.62。

表 2 RIL 群体光合色素性状间的相关系数

Table 2 Correlation coefficients between photosynthetic pigment traits in RIL population

性状	相关系数		
	叶绿素 a 含量	叶绿素 b 含量	叶绿素 a/b
叶绿素 b 含量	0.93**		
叶绿素 a/b	0.85**	0.62**	
总叶绿素含量	0.99**	0.97**	0.79**

***示极显著相关($P<0.01$)。

2.3 水稻 RIL 群体光合色素的主成分分析

将 RIL 群体的 4 项光合色素性状进行主成分分析,其结果见表 3。由表 3 可知,前 2 个主成分累积贡献率为 99.595%。第 1 主成分的特征值为 2.552,贡献率为 63.040%,总叶绿素和叶绿素 a 含量是该主成分的主要作用因子,载荷值分别为 0.979 和 0.954,另外 2 个光合色素性状对该主成分贡献较小。第 2 主成分特征值为 1.462,贡献率为 36.555%,叶绿素 a/b 是该主成分最主要的作用因子,载荷值为 0.888,另外 3 个光合色素性状对该主成分贡献较小。

表 3 RIL 群体主成分特征值及贡献率

Table 3 Principal component eigenvalues and contribution rate of RIL population

性状	载荷	
	主成分 1	主成分 2
叶绿素 a 含量	0.954	0.294
叶绿素 b 含量	0.668	-0.741
叶绿素 a/b	0.455	0.888
总叶绿素含量	0.979	-0.194
特征值	2.522	1.462
贡献率/%	63.040	36.555
累计贡献率/%	63.040	99.595

2.4 水稻 RIL 群体光合色素的聚类分析

基于 4 个光合色素性状的表型值对 RIL 群体的 239 个株系进行聚类分析,其结果见表 4。第 I 类群包括 23 份材料,4 个性状均值在 3 大类群中均排名首位,说明此类群植株光合色素含量最高,光合能力最强。第 II 类群包括 164 份材料,4 个性状均值在 3 大类群中均排名第 2 位,说明此类群植株光合色素含量中等,光合能力适中。第 III 类群包括 52 份材料,4 个性状均值在 3 大类群中均排名末位。

表 4 RIL 群体 3 类群的光合色素性状特征

Table 4 Characteristics of photosynthetic pigment in three groups of RIL population

类群	株系数	叶绿素 a	叶绿素 b	叶绿素 a/b	总叶绿素
		含量/ (mg g ⁻¹)	含量/ (mg g ⁻¹)		含量/ (mg g ⁻¹)
I	23	2.89	1.81	1.59	4.70
II	164	2.05	1.42	1.44	3.47
III	52	1.28	1.10	1.16	2.38

2.5 水稻光合色素的 QTL 定位分析

水稻光合色素性状的 QTL 定位共检测到 4 个相关 QTL 位点(表 5),分布在第 4 和第 8 染色体上,LOD 值为 2.01~3.14,解释的表型贡献率为 4.52%~7.08%。检测到 1 个控制叶绿素 a 含量的 QTL 位点,位于第 8 染色体的 RM6155 至 RM23446 之间,能解释 4.52%的表型变异,加性效应为正,其增效等位基因来自亲本 SC。检测到 2 个控制叶绿素 a/b 值的 QTL 位点,分别位于第 4 染色体的 RM471-SFP4-3 区间和第 8 染色体的 RM6155 至 RM23446 之间,分别能解释 5.39%和 7.08%的表型变异,加性效应均为正,增效等位基因均来自亲本 SC。检测到 1 个控制总叶绿素含量的 QTL 位点,位于第 8 染色体的 RM6155 至 RM23446 之间,能解释 4.92%的表型变异,加性效应为正,其增效等位基因来自亲本 SC。通过比较发现,在第 8 染色体 RM6155 至 RM23446 区间检测到控制叶绿素 a 含量的 *qChla-8*,控制叶绿素 a/b 的 *qChla/b-8* 和控制总叶绿素含量的 *qChlt-8*,说明该区间可同时影响多个光合色素性状,表现为紧密连锁或一因多效。

表 5 RIL 群体光合色素性状的 QTL 分析结果

性状	QTL	染色体	标记区间	LOD 值	贡献率/%	加性效应
叶绿素 a 含量	<i>qChla-8</i>	8	RM6155 至 RM23446	2.58	4.52	0.12
叶绿素 a/b	<i>qChla/b-4</i>	4	RM471-SFP4-3	2.01	5.39	0.04
	<i>qChla/b-8</i>	8	RM6155 至 RM23446	3.14	7.08	0.06
总叶绿素含量	<i>qChlt-8</i>	8	RM6155 至 RM23446	2.85	4.92	0.18

3 结论与讨论

目前, 分子标记在定位水稻重要农艺性状中得到了广泛应用。关于水稻叶片光合色素含量的研究成果也多有报道^[8,13,18-19]。HUNG^[20]以野生稻和 9311 构建的高代重组自交系群体为材料, 共检测到 17 个控制叶绿素含量的 QTL, 分布在水稻第 1、3、4、10、11 和 12 染色体上, 单个 QTL 解释的表型贡献率为 1.68%~17.28%, 但仅 *qChIA-1* 的表型贡献率高于 10%。诸多研究者利用不同的遗传群体和标记, 定位到较多控制不同时期、不同部位叶片的光合含量相关 QTL, 比较发现这些位点的 LOD 值均较小且贡献率绝大多数在 10% 以下, 主效基因较少, 表明水稻光合色素含量主要由微效 QTL 控制。本研究中, 在水稻 RIL 群体分蘖期共检测到 4 个光合色素相关 QTL(*qChla-8*、*qChla/b-4*、*qChla/b-8*、*qChlt-8*), LOD 值介于 2.01~3.14, 贡献率为 4.52%~7.08%, LOD 值和贡献率均较小, 说明光合色素含量这一生理性状遗传的复杂性。

Gramene 网站(<http://archive.gramene.org/db.qtl/>)已报道了 618 个与水稻光合色素相关的 QTL, 其中以第 3 染色体上的相关位点最多。汪斌等^[21]利用 RIL 群体, 在 4 个不同时期对水稻叶绿素 a 和叶绿素 b 含量进行 QTL 分析, 检测到 6 个与叶绿素 a 相关的 QTL, 分布在第 1 和第 4 染色体上, LOD 值为 4.60~6.23。童汉华等^[22]利用 RIL 群体, 对水稻生育后期剑叶叶绿素 a、叶绿素 b 和总叶绿素含量进行 QTL 分析, 检测到 3 个与叶绿素 a 含量相关的 QTL, 分布于第 3 和第 9 染色体上, LOD 值为 2.77~4.14, 单个 QTL 解释的表型贡献率为 9.86%~29.51%。胡茂龙等^[23]利用 BC₁F₁₀ 群体, 对水稻抽穗后第 7 天和第 30 天的叶绿素 a/b 比值进行 QTL 分析, 共检测到 3 个相关的 QTL, 分布于第 2、3、12 染色体上, LOD 值为 2.69~6.42, 单

个 QTL 解释的表型贡献率为 10.0%~21.0%, 3 个 QTL 表型贡献率均不低于 10%, 为控制水稻叶绿素 a/b 比值的主效 QTL 位点。通过与前人研究结果对比, 第 8 染色体的 RM6155 至 RM2344 的 *qChla-8*、*qChla/b-8* 和 *qChlt-8* 为前人未报道的新位点, 第 4 染色体的 *qChla/b-4* 位点前人也未报道。这些位点值得进一步验证和研究。

本研究中叶绿素 a、叶绿素 b、总叶绿素含量和叶绿素 a/b 等 4 个性状均呈极显著正相关, 这与邓家耀^[24]和杨国华等^[18]的研究结果基本一致。但本研究结果“叶绿素 b 与叶绿素 a/b 呈极显著正相关”与前人大部分研究结果不一致, 可能与本研究中的 RIL 群体叶绿素 b 的分布范围较广、变异系数较大有关。本研究的主成分分析结果显示, 4 个性状可以分为 2 个主成分, 主成分 1 为光合色素含量因子, 主成分 2 为光合色素比值因子, 累积贡献率为 99.595%。通过聚类分析, 本研究将 239 个株系分为 3 大类。其中, 第 I 类群水稻材料有 23 份, 此类群材料的光合色素含量较高, 性状优良, 可作为培育高光效水稻品种的资源材料。

综上所述, 本研究检测到的 *qChla-8*、*qChla/b-4*、*qChla/b-8* 和 *qChlt-8* 可能为控制水稻光合色素含量的新 QTL 位点。其中在第 8 染色体的 RM6155 至 RM2344 区间同时检测到 *qChla-8*、*qChla/b-8* 和 *qChlt-8*, 说明该区间能同时控制叶绿素 a 含量、叶绿素 a/b 和总叶绿素含量, 并且加性效应均为正, 增效等位基因来自亲本 SC, 故该位点可能是一因多效位点。

参考文献:

- [1] 李可, 禹晴, 徐云姬, 等. 水稻叶片早衰突变体的农艺与生理性状研究进展[J]. 中国水稻科学, 2020, 34(2): 104-114.
- [2] CURRANP J, WINDHAM W R, GHOLZ H L. Exploring the relationship between reflectance red edge and chlorophyll concentration in slash pine leaves[J].

- Tree Physiology, 1995, 15(3): 203–206.
- [3] FILELLA I, SERRANO L, SERRA J, et al. Evaluating wheat nitrogen status with canopy reflectance indices and discriminant analysis[J]. Crop Science, 1995, 35(5): 1400–1405.
- [4] 彭志芸, 丁峰, 湛洁, 等. 麦油稻轮作秸秆还田与施氮对水稻光合特性及产量的影响[J]. 湖南农业大学学报(自然科学版), 2020, 46(3): 253–261.
- [5] 李明启, 吕章荣, 邓向前. 野生稻和栽培稻的光合作用和叶绿素含量的比较研究[J]. 植物生理学报, 1984, 10(4): 333–338.
- [6] 屠曾平, 林秀珍, 黄秋妹, 等. 水稻中的光抑制现象及其品种间差异[J]. 中国水稻科学, 1988, 2(1): 8–16.
- [7] 刘进, 王嘉宇, 姜树坤, 等. 水稻叶绿素含量动态 QTL 分析[J]. 植物生理学报, 2012, 48(6): 577–583.
- [8] 杨树明, 刘关所, 张素华. 不同生长环境下水稻孕穗期叶绿素 QTL 定位[J]. 云南大学学报(自然科学版), 2017, 39(4): 684–690.
- [9] 赵凌, 张勇, 魏晓东, 等. 利用高密度 Bin 图谱定位水稻抽穗期剑叶叶绿素含量 QTL[J]. 中国农业科学, 2022, 55(5): 825–836.
- [10] LI L M, PENG Y L, TANG S W, et al. Mapping QTL for leaf pigment content at dynamic development stage and analyzing Meta-QTL in rice[J]. Euphytica, 2021, 217(5): 90.
- [11] ISHIMARU K, YANO M, AOKI N, et al. Toward the mapping of physiological and agronomic characters on a rice function map: QTL analysis and comparison between QTLs and expressed sequence tags[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2001, 102(6): 793–800.
- [12] JIANG G H, ZENG J, HE Y Q. Analysis of quantitative trait loci affecting chlorophyll content of rice leaves in a double haploid population and two backcross populations[J]. Gene, 2014, 536(2): 287–295.
- [13] 阿加拉铁, 曾龙军, 薛大伟, 等. 水稻灌浆期不同阶段叶绿素含量的 QTL 分析[J]. 作物学报, 2008, 34(1): 61–66.
- [14] HUANG L C, DAI L P, WANG L, et al. Genetic dissection for chlorophyll content of the top three leaves during grain filling in rice (*Oryza sativa* L.)[J]. Journal of Plant Growth Regulation, 2015, 34(2): 381–391.
- [15] 方希林, 杨漫, 王鑫, 等. 水稻叶色突变体 *ygr* 的遗传分析与基因定位[J]. 核农学报, 2017, 31(11): 2096–2102.
- [16] WANG Y, WANG D, DENG X J, et al. Molecular mapping of the blast resistance genes *Pi2-1* and *Pi51(t)* in the durably resistant rice ‘Tianjingyeshengdao’[J]. Phytopathology, 2012, 102(8): 779–786.
- [17] MCCOUCH S R, CHO Y G, YANO M, et al. Report on QTL nomenclature[J]. Rice Genetics Newsletter, 1997, 14: 11–13.
- [18] 杨国华, 李绍清, 冯玲玲, 等. 水稻剑叶叶绿素含量相关性状的 QTL 分析[J]. 武汉大学学报(理学版), 2006, 52(6): 751–756.
- [19] 沈波, 庄杰云, 张克勤, 等. 水稻叶绿素含量的 QTL 及其与环境互作分析[J]. 中国农业科学, 2005, 38(10): 1937–1943.
- [20] HUNG N M. 普通野生稻高代回交重组自交系 (BILs) 的光合作用相关性状的表型调查和遗传分析[D]. 北京: 中国农业科学院, 2019.
- [21] 汪斌, 兰涛, 吴为人, 等. 水稻叶绿素含量的 QTL 定位[J]. 遗传学报, 2003, 30(12): 1127–1132.
- [22] 童汉华, 梅捍卫, 邢永忠, 等. 水稻生育后期剑叶形态和生理特性的 QTL 定位[J]. 中国水稻科学, 2007, 21(5): 493–499.
- [23] 胡茂龙, 张迎信, 孔令娜, 等. 利用回交重组自交系群体检测 3 个水稻光合功能相关性状 QTL[J]. 作物学报, 2006, 32(11): 1630–1635.
- [24] 邓家耀. 水稻光合与产量相关性状的 QTL 分析[D]. 福州: 福建农林大学, 2007.

责任编辑: 毛友纯

英文编辑: 柳正