

晋大 52 × 晋大 57 RIL 群体重要农艺性状的 QTL 定位

杨竹丽, 李贵全

(山西农业大学 农学院, 山西 太谷 030801)

摘要: 以晋大 52 为母本、晋大 57 为父本及其 176 个 RIL 群体后代为材料, 应用 WinQTL Cart V2.0 软件采用复合区间作图法对所选取对象 ($LOD > 2.5$) 的生育期、开花日数、单株质量、单株粒重、单株粒数、单株荚数、百粒重、株高、茎粗、主茎节数、分枝数、结荚高度等 12 个农艺性状进行 QTL 定位分析。结果表明: 效应最大的 QTL 可解释的遗传变异分别为 $md2$ 21.32%、 $fd2$ 48.11%、 $wp1$ 7.01%、 $swpp1$ 30.67%、 $nppp2$ 41.32%、 $spp1$ 8.56%、 $sw4$ 41.46%、 $ph1$ 52.51%、 $st1$ 35.14%、 $smn2$ 31.60%、 $bn2$ 25.43%、 $hp1$ 16.31%。检测到的 30 个 QTL 分布于山西农业大学大豆研究实验室建立的 5 个连锁群上, 大多数性状聚集在 $c2(Dla)$ 、 $c5(C2)$ 、 $c7(M)$ 等连锁群上, 部分 QTL 在连锁群上的位置相同, 即为同一位点, 这类位点共有 5 个, 除去重复计算部分, 实际位点数为 23 个。

关键词: 大豆; RIL 群体; 农艺性状; QTL

中图分类号: S565.03 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-7091(2010)02-0088-05

The QTL Analysis of Important Agronomic Traits on a RIL Population from a Cross between Jinda52 and Jinda57

YANG Zhu-li LI Guo-quan

(College of Agronomy, Shanxi Agricultural University Taigu 030801, China)

Abstract The QTL of some important agronomic traits analysis provides plant geneticists with a powerful tool for the analysis of molecular plant breeding structure and function. The materials of this research are a 176 RIL populations constructed from a cross between Jinda52 and Jinda57. Windows QTL Cartographer V2.0 $LOD > 2.5$ were used to detect QTL concern to maturity date, flowering date, weight per plant, seed weight per plant, No. of pod per plant, seeds per plant, 100-seed weight, Plant height, stem thickness, No. of stem nodes, No. of branch, height of 1st pod etc. 12 agronomic traits. Results of these studies are as follows: the most effective QTLs of the 12 traits explained $md2$ 21.32%, $fd2$ 48.11%, $wp1$ 7.01%, $swpp1$ 30.67%, $nppp2$ 41.32%, $spp1$ 8.56%, $sw4$ 41.46%, $ph1$ 52.51%, $st1$ 35.14%, $smn2$ 31.60%, $bn2$ 25.43%, $hp1$ 16.31% of the total variation respectively. All 30 QTLs distributed 5 linkage group of this test, most traits assembled the group $c2(Dla)$, $c5(C2)$, $c7(M)$, but part of the total 30 QTLs was located on the same loci. That suggested one QTL could influence more than one traits. There was 5 loci of this kind. So the total QTL was change from 30 to 23 if the QTLs located on the same locus were counted as one QTL.

Key words Soybean; RIL population; Agronomic traits; QTL

重要农艺性状 QTL 定位分析是进行分子植物育种的重要内容和基础。大豆的农艺性状大都是数量性状, 受多基因控制并易受环境的影响^[1]。Keim 等^[2]发现, 连锁群 R(L) 上有 3 个标记与茎的直径有关, $pG-17.3a$ 的决定系数为 0.24, $pK385$ 和 $pR-201$ 均为 0.170, 与开花期有关的标记位于连锁群 M(C2) 上, 共有 3 个标记, 即 $pK-365$, $pK-474a$, $pK-$

$474b$, 表型变异率分别为 0.21, 0.23, 0.21; 5 个与成熟期相关的 QTL 位点, 定名为 $pK-472$, $pR-13b$, $pK-365$, $pK-474a$, $pK-474b$ 。目前, 已经在大豆连锁图谱定位大量关于大豆产量性状的 QTL, 涉及到株高^[3]、主茎节数^[4]、产量^[5]、百粒重^[6]等性状, 且研究产量密切相关的性状或产量构成因子, 是揭示产

收稿日期: 2009-12-18

基金项目: 国家科技支撑计划 (2006BAD01A04); 山西省科技攻关项目 (20080311007-1)

作者简介: 杨竹丽 (1982-), 女, 河北邢台人, 在读硕士, 主要从事大豆育种研究。

通讯作者: 李贵全 (1954-), 男, 山西昔阳人, 教授, 主要从事大豆抗旱育种研究。

量性状遗传基础的有效途径^[7]。目前比较清楚的是成熟期和生长习性的 QTL与产量密切相关^[7-9]。

本研究在已构建的遗传图谱^[10]基础上, 对所调查的农艺性状进行初步的 QTL基因定位, 分析控制不同农艺性状的基因效应, 进一步明确大豆产量及其相关农艺性状的遗传规律, 对不同性状的 QTL精细定位等方面提供借鉴和试验基础, 旨在进行标记辅助选择育种、尽快培育出高产优质的大豆新品种提供理论和实践依据。

1 材料和方法

1.1 供试材料

以晋大 52×晋大 57的 RIL群体中无严重偏分离的 176个家系和父母本为试验材料。其中母本晋大 52由 371×(312×海 94)杂交选育而成; 父本晋大 57由冀黄 4号×晋大 28杂交选育而成。

1.2 重要农艺性状的调查

生育期 (MD)、开花期 (FD)、单株荚数 (NPP)、单株粒数 (SPP)、单株粒重 (SWPP)、百粒重 (SW)、株高 (PH)、茎粗 (ST)、主茎节数 (SNN)、分枝数 (BN)、结荚高度 (HP)、单株质量 (WP)等均按照大豆育种的常规记载考种标准进行^[11]。

1.3 数据分析

表 1 亲本及重组自交系群体农艺性状分析

Tab 1 Analysis of agronomic traits associated in the RIL population and its parents

性状 Traits	亲本 Parents			杂交后代 Hybrid offsprings			
	晋大 52 Jinda52	晋大 57 Jinda57	平均值 Mean	平均值 Mean	变异范围 Range	峰度 Kurtosis	偏度 Skewness
生育期 /d Maturity date	131	115	123	122.42	110.0~133	0.3331	-0.0317
开花日数 /d Flowering date	62	46	54	48.24	39.0~63	0.0956	0.8956
单株质量 /g Weight per plant	87.1	75.2	81.1	49.07	23.0~88.8	1.1153	0.4500
单株粒重 /g Seed weight per plant	29.6	26.8	28.2	27.17	12.8~45.7	-0.1218	0.4545
单株荚数 No. of pod per plant	70.5	62.4	66.45	54.30	25.0~105	2.7289	1.0662
单株粒数 Seeds per plant	149.0	129.8	139.4	129.76	70.2~249.4	2.2823	1.0728
百粒重 /g 100-seed weight	19.88	17.24	18.56	19.95	17.9~22.1	-0.4046	0.4570
株高 /cm Plant height	82.7	81.6	82.15	67.42	47.25~89.8	0.6731	-0.1433
茎粗 /cm Stem thickness	0.89	1.03	0.96	0.76	0.52~0.94	0.0671	-0.5244
主茎节数 No. of stem nodes	21.6	22.6	22.1	21.34	17.9~24.2	-0.4567	-0.1253
分枝数 No. of branch	3.0	3.2	3.1	3.27	1.0~5.6	-0.6852	0.0917
结荚高度 /cm Height of 1st pod	12.4	8.2	10.3	8.25	4.0~13	-0.6689	-0.0860

2.2 RIL群体农艺性状的相关性分析

本研究所调查的 12个农艺性状在重组自交系中表现出不同程度的相关性 (表 2)。其中单株粒数和单株荚数之间的相关系数最大 ($r=0.961$), 其次是单株粒数和株重间 ($r=0.957$); 单株产量与开花日数、株重、单株荚数、单株粒数、株高、茎粗之间都达到极显著正相关水平, 所以在品种选育及农业生产中应充分利用这些性状与单株产量的关系, 以提

在已构建的遗传图谱^[10]基础上, 采用 Windows QTL Cartographer V2.0 软件对 RIL群体的重要农艺性状进行复合区间作图 (Composite interval mapping)^[12], 以 $LOD=2.5$ 为阈值对 QTL 进行定位分析。

2 结果与分析

2.1 大豆农艺性状在亲本及 RIL群体中的表型值分析

大豆植株重要农艺生长性状在 RIL群体中的分布次数见表 1。由表 1 分析可知, 本试验所测定的 12个农艺性状在双亲间表现出较为明显的差异, 因而用此群体作为研究材料, 是有可能获得控制这些农艺性状的 QTL。12个性状在重组自交系中表现出明显的分离, 除单株粒数和单株荚数外, 各性状在 RIL群体中分布的峰度和偏度均小于 2, 且这些性状表现出较为明显的单峰分布, 具有数量遗传特征, 说明大豆植株生长性状是属于多基因控制的数量性状。在等效多基因假定下, 次数分布应该是正态的, 但单株粒数和单株荚数的峰度和偏度均过大, 尤其是二者的峰高均大于 2 分布不对称, 右尾过长, 这可能是由于基因的非等效或主效基因存在所造成的。

高大豆的产量, 而结荚高度与单株质量、单株产量、单株荚数、单株粒数、主茎分枝数等性状达到极显著负相关, 说明结荚高度过高不利于分枝的分化及大豆产量的提高, 因此在选育高产品种时应适度控制大豆的结荚高度。另外, 其他许多性状之间均存在显著或极显著的相关关系, 通过对控制这些性状的 QTL 进行定位, 有可能阐明这一复杂关系。

表 2 大豆植株农艺性状的相关性分析

Tab 2 The correlation coefficient of soybean growth traits

性状 Traits observed	MD	FD	WP	SW PP	NPPP	SPP	SW	PH	ST	SNN	BN
生育期 MD											
开花日数 FD	0.878**										
单株质量 WP	0.503**	0.254									
单株产量 SW PP	0.577**	0.334	0.955**								
单株荚数 NPPP	0.507**	0.260	0.953**	0.949**							
单株粒数 SPP	0.443**	0.207	0.957**	0.936**	0.961**						
百粒重 SW	0.550**	0.535**	0.116	0.275	0.164	0.012					
株高 PH	0.658**	0.443**	0.727**	0.685**	0.624**	0.619**	0.317**				
茎粗 ST	0.548**	0.321	0.865**	0.764**	0.738**	0.780**	0.030	0.846**			
主茎节数 SNN	0.018	-0.201	0.173	0.092	0.115	0.133	0.094	0.346	0.224		
分枝数 BN	0.362**	0.076	0.779**	0.677**	0.730**	0.740**	-0.114	0.706**	0.762**	0.310	
结荚高度 HP	-0.112	0.151	-0.470**	-0.389**	-0.466**	-0.479**	0.154	-0.453**	-0.409**	-0.259	-0.745**

注 * .表示显著相关; ** .表示极显著相关。

Notes * . Correlation is significant at the 0.05 level; ** . Correlation is significant at the 0.01 level.

2.3 大豆农艺性状的 QTL定位

依据山西农业大学大豆研究实验室已构建的遗传图谱^[10],用复合区间作图法分析了 12个重要农艺性状 QTL位点的分布,应用 WinQTLCart V.2.0 软件选取 LOD> 2.5 并采用复合区间作图法对所选取对象的生育期、开花日数、单株质量、单株粒重、单株粒数、单株荚数、百粒重、株高、茎粗、主茎节数、分枝数、结荚高度等 12个农艺性状进行 QTL定位分析,共定位了 30个 QTL位点,但每个连锁群上的 QTL并不是均匀分布的,有的连锁群检出的 QTL较多,如 c5(C2)为 9个, c7(M)为 6个,有的连锁群检测出的 QTL很少,如 c3

(DLb)和 c4(C1)都只有 2个。其中效应最大的 QTL可解释的遗传变异分别为 md2 21.32%, fl2 48.11%, wp1 7.01%, Swpp1 30.67%, nppp2 41.32%, spp1 8.56%, sw4 41.46% , ph1 52.51% , st1 35.14%, snn2 31.60% , bn2 25.43%, hp1 16.31%。在检测到的全部 30个 QTL中,部分 QTL在连锁群上的位置相同,这类位点共有 5个,即: fl1 与 sw2, fl2与 sw3, sw4与 bn1, ph1 st2与 bn2, md2、swpp1与 nppp1属于同一位点,因此除去重复计算的 7个位点,实际位点数为 23个(表 3)。

表 3 大豆农艺性状的 QTL定位

Tab 3 QTL tagging of soybean agronomic traits

性状 Traits	连锁群 LG	位点 QTL	标记区间 Marker interval	QTL位置 /M Position of QTL	LOD	加性效应 Additive	贡献率 /% R ²
生育期 /d MD	c2(Dk)	md1	Sat203– Sat414	5.9~ 0.2	4.35	6.290	7.24
	c7(M)	md2	Sat590	0.0	4.62	2.951	21.32
开花日数 /d FD	c2(Dk)	fl1	Sat203	0.0	2.69	5.186	14.23
		fl2	Sat203– Sat414	14.0~ 2.1	5.93	18.132	48.11
	c5(C2)	fl3	Satt363– Satt366	2.0~ 9.0	2.91	4.061	12.73
		fl4	Satt363– Satt366	9.9– 3.1	3.44	7.890	32.35
单株质量 /g WP	c7(M)	wp1	Satt320– Sat256	1.8~ 10.5	3.36	4.702	7.01
单株粒重 /g SW PP	c7(M)	swpp1	Sat590	0.0	3.03	4.690	30.67
		swpp2	Satt323– Satt220	5.4~ 2.6	3.93	4.849	27.43
单株荚数 NPPP	c7(M)	nppp1	Sat590	0.0	3.85	10.362	33.20
		nppp2	Satt320– Sat256	1.1~ 10.9	5.64	11.702	41.32
单株粒数 SPP	c5(C2)	spp1	Satt366– Satt277	2.1~ 5.3	2.65	-17.564	8.56
	c7(M)	spp2	Satt323– Satt220	6.1~ 1.9	2.75	11.423	5.44
百粒重 /g SW	c2(Dk)	sw1	Satt267– Satt370	2.0~ 3.1	3.03	0.531	15.46
		sw2	Sat203	0.0	3.20	0.774	22.31
		sw3	Sat203– Sat414	14.0~ 2.1	3.55	1.644	31.52
	c4(C1)	sw4	Satt399– Satt139	0.1~ 2.6	2.62	3.092	41.46
	c7(M)	sw5	Sat463	0.0	4.61	-0.393	2.76
株高 /m PH	c4(C1)	ph1	Satt139– Satt361	2.0~ 0.9	3.10	7.182	52.21
茎粗 /m ST	c3(DLb)	st1	Satt189– Satt546	4.0~ 3.9	3.12	0.194	35.14
		st2	Satt139– Satt361	2.0~ 0.9	3.72	0.071	23.20
主茎节数 SNN	c5(C2)	snn1	Satt307– Satt460	0.1~ 4.6	3.02	0.954	24.12

续表 3

性状 Traits	连锁群 LG	位点 QTL	标记区间 Marker interval	QTL位置 / cM Position of QTL	LOD	加性效应 Additive	贡献率 / % R ²
分枝数 BN	c4(C1)	snn2	Satt460– Satt489	4 0~ 0 4	2 56	1 122	31 60
		bn1	Satt399– Satt139	0 1~ 2 6	3 37	0 824	24 36
		bn2	Satt139– Satt361	2 0~ 0 9	2 93	0 856	25 43
结荚高度 / cm HP	c3(DLb)	hp1	Satt189	0 0	3 14	2 682	16 31
		hp2	Satt366– Satt277	6 1~ 1 3	3 81	1 363	8 32
	c5(C2)	hp3	Satt100	0 0	4 92	1 224	6 15
		hp4	Satt307– Satt460	2 0~ 2 7	3 30	0 563	1 12
		hp5	Satt460– Satt489	2 0~ 2 4	2 81	0 334	1 53

LOD 值设为 2.5 时, 12 个性状都检测到 QTL, 位点数从 1~ 5 个不等, 共检测到 30 个 QTL 位点, 在检测到的 QTL 中, 有些位点遗传效应很大, 如 ph1 fd2 sw4 nppp2 分别可解释总变异的 52.2%, 48.1%, 41.46% 和 41.32%, 有些位点可解释的遗传变异很低, 如 hp4 只为 1.12%, 平均可解释性状总变异的 21.75%。

表 4 与多个性状有关的 QTL

Tab 4 The relational QTL with multiple traits

连锁群 LG	标记区间 Marker interval	QTL位置 / cM Position of QTL	位点 QTL	LOD	加性效应 Additive	贡献率 / % R ²
c2(DLa)	Satt203	0 0	fd1	2 69	5 186	14 23
	Satt203– Satt414	14 0~ 2 1	sw2	3 20	0 774	22 31
			fd2	5 93	18 132	48 11
c4(C1)	Satt399– Satt139	0 1~ 2 6	sw3	3 55	1 644	31 52
	Satt139– Satt361	2 0~ 0 9	sw4	2 62	3 092	41 46
			bn1	3 37	0 824	24 36
			ph1	3 10	7 182	52 21
			st2	3 72	0 071	23 20
c7(M)	Satt590	0 0	bn2	2 93	0 856	25 43
			md2	4 62	2 951	21 32
			swpp1	3 03	4 690	30 67
			nppp1	3 85	10 362	33 20

与不同性状有关的 QTL 位点出现在同一位置, 表明这些农艺性状之间存在一定的相关性, 参照相关系数表可知, 开花日数与百粒重之间相关系数为 0.535, 生育期与单株粒重之间的相关系数为 0.557, 与单株荚数间的相关系数为 0.507, 单株粒重与单株荚数之间的相关系数为 0.949, 茎粗与株高以及与分枝数的相关系数分别为 0.846 和 0.726, 株高与分枝数之间的相关系数为 0.706, 这些性状两两之间都存在极显著相关, 也表明这些 QTL 位点可以出现在同一位置。关于这些“一因多效”的 QTL 位点的机理和作用还有待进一步分析研究。

2.4 与农艺性状有关的标记和标记区间

从本研究中已构建的遗传图谱^[10]来看, 有 5 个连锁群存在与大豆农艺性状有关的 QTL 位点 23 个。c2(DLa) 上有 4 个 QTL 位点, 分别与百粒重 (sw1, sw2, sw3)、开花日数 (fd1, fd2)、生育期 (md1) 3 个农艺性状有关, 其中 fd1, sw2 为同一个位点, fd2, sw3 为同一个位点。c3(DLb) 上有 2 个 QTL 位点, 分别与结荚高度

在 30 个位点中, 有的不同性状的 QTL 在连锁群上的位置是一样的, 属于一个位点, 即同一个位点可以影响不同的性状。30 个位点中有重复计数的位点, 除去重复计数部分, 共有 QTL 位点 23 个。影响多个性状的位点有 12 个, 一个位点可以影响 2~ 3 个性状分布于 3 个连锁群上 (表 4)。

(hp1)、茎粗 (st1) 2 个农艺性状有关。c4(C1) 上有 2 个 QTL 位点, 分别与百粒重 (sw4)、分枝数 (bn1, bn2)、株高 (ph1)、茎粗 (st2) 4 个农艺性状有关, 其中 sw4 和 bn1 为同一个位点, ph1, st2 和 st1 为同一个位点。c5(C2) 上有 9 个 QTL 位点, 分别与开花日数 (fd3, fd4)、单株粒数 (spp1)、主茎节数 (snn2, snn2) 和结荚高度 (hp2, hp3, hp4, hp5) 4 个农艺性状有关。c7(M) 上有 6 个 QTL 位点, 分别与生育期 (md2)、单株荚数 (nppp1, nppp2)、百粒重 (sw5)、单株粒重 (swpp1, swpp2)、单株粒数 (spp2)、株重 (wpl) 6 个农艺性状有关, 其中 md2, swpp1 和 nppp1 为同一个位点 (表 5)。

3 讨论

本研究利用已构建的遗传图谱^[10]对 12 个农艺性状进行了 QTL 分析, 所检测到的 30 个 QTL 位于 22 个 QTL 区间, 在各性状相对应的最大效应 QTL 中除 wpl 7.01%, spp1 8.56% 外, 其余的 QTL 位点均大于 10%,

表 5 与农艺性状有关的标记及标记区间

Tab 5 The relational marker and marker interval of soybean agronomic traits			
连锁群 LG	位点数 No. of QTL	标记区间 Marker interval	性状 Traits
c2(DLa)	4	Sat267– Sat370 Sat203	百粒重 开花日数, 百粒重
c3(DLb)	2	Sat203– Sat414 Sat189	生育期, 开花日数, 百粒重 结荚高度
c4(C1)	2	Sat189– Sat546 Sat399– Sat139	茎粗 百粒重, 分枝数
c5(C2)	9	Sat139– Sat361 Sat363– Sat366 Sat366– Sat277 Sat100	株高, 茎粗, 百粒重 开花日数 单株粒数, 结荚高度 结荚高度
c7(M)	6	Sat307– Sat460 Sat460– Sat489 Sat463 Sat590 Sat323– Sat220 Sat320– Sat256	主茎节数, 结荚高度 主茎节数, 结荚高度 百粒重 生育期, 单株粒重, 单株荚数 单株粒重, 单株粒数 单株质量, 单株荚数

因此, 传统上认为的数量性状也可能存在主效基因。其中 5个区间聚集了 12个 QTL, 位于 c2(DLa), c4(C1) 和 c7(M)等连锁群上特定区域内。一个区间影响多个性状的特性称为 QTL的“一因多效”性, Moncada^[13]认为这种与多个性状有关的特定区域, 可能存在基因连锁或上位效应。实际上这样的区间有可能包含 2个(或多个)紧密连锁的 QTL, 也有可能只有一个 QTL。

Mansur^[14]发现, 与开花期、成熟期、株高等农艺性状相关的 QTL在连锁群上成簇存在, 喻德跃^[15]采用科丰 1号×南农 1138-2的 RIL群体(206个家系)进行了大豆相关性状的 QTL分析, 发现与不同性状有关的 QTL出现于同一位点处, 92个位点中, 有的不同性状的 QTL在连锁群上的位置是一样的, 是同一个位点, 或者说, 同一个位点可以影响不同的性状, 说明了开花日数、全生育期、株高、主茎节数、倒伏性、根重、百粒重以及产量等农艺性状两两之间都是相关的。

本研究发现有 3个连锁群上存在有相关标记聚集的现象, 如: 位于 c2(DLa)连锁群的标记 Sat203和标记区间 Sat203-Sat414上的 QTL可以影响开花日数及百粒重; 位于连锁群 c4(C1)上的标记区间 Sat139–Sat361上的 QTL可以影响茎粗、株高以及分枝数; 位于 c7(M)连锁群的标记 Sat590上的 QTL可以影响生育期、单株粒重、单株荚数。说明了开花日数与百粒重、生育期、单株粒重与单株荚数、茎粗、株高及分枝数这些性状两两之间都存在相关性, 通过各性状相关系数表的分析结果得知, 这些性状之间确实都表现出了极显著的正相关关系, 充分证明了这一现象的存在。

参考文献:

[1] 刘 峰, 庄炳昌, 张劲松, 等. 大豆遗传图谱的构建和分析 [J]. 遗传学报, 2000 27(11): 1018– 1026

[2] Kein P, Diers BW, Olson T C, *et al*. RFLP mapping in soybean Association between marker bci and variation in quantitative traits [J]. Genetics 1990 126 735– 742

[3] Orf J H, Chase K, Jarvik T. Genetics of soybean agronomic traits Comparison of three related recombinant inbred populations[J]. Crop Science; 1999 39 1642– 1651.

[4] 吴晓雷, 陈受宜, 盖钧镒. 大豆重要农艺性状的 QTL 分析 [J]. 遗传学报. 2001, 28(10): 947– 955.

[5] Chapman A, Pantalone V R, Ustun A. Quantitative trait loci for agronomic and seed quality traits in an F2 and F4 6 soybean population[J]. Euphytica 2003, 129 387– 393

[6] 关荣霞, 王跃强. 大豆遗传图谱的构建和若干农艺性状的 QTL 定位分析 [J]. 植物遗传资源学报, 2004 5(4): 309– 314

[7] Specht J E, Hume D J, Kumudini S V. Soybean yield potential– A genetic and physiological perspective[J]. Crop Sci 1999 39 1560– 1570

[8] Mansur L M, Orf J H, Chase K, *et al*. Genetic mapping of agronomic trait using recombinant inbred lines of soybean[J]. Crop Sci 1996 36 1327– 1336

[9] Orf J H, Chase K, Adler F R, *et al*. Genetics of soybean agronomic traits II Interaction between yield quantitative trait bci in soybean[J]. Crop Sci 1999 39 1652– 1657

[10] 张家榕. 利用 SSR 标记进行大豆重要农艺性状 QTL 定位的初步研究 [D]. 太谷: 山西农业大学, 2007.

[11] 王 敏, 盖钧镒, 马育华, 等. 大豆杂种世代农艺、品质性状的遗传变异与互变异研究 [J]. 南京农业大学学报, 1990 13(3): 25– 31.

[12] Zeng Z B. Precision mapping of quantitative trait loci [J]. Genetics, 1994 136 1457– 1468

[13] Moncada P, Martinez C P, *et al*. Quantitative trait loci for yield and yield components in an Oryza sativa×Ryza nufipogon B C2F2 population evaluated in an upland environment [J]. Theor Appl Genet 2001 102 41– 52

[14] Mansur L M. Interval mapping of quantitative trait loci for reproductive morphological and seed traits of soybean (*Glycine max* L.) [J]. Theor Appl Genet 1993 86 907– 913.

[15] 俞德跃, 盖钧镒, 吴晓雷, 等. 大豆 5个花叶病毒株系抗性基因的定位. [J]. 遗传学报, 2004 31 87– 90