

# RFLP 在大豆种质资源及遗传连锁研究中的应用

张志永 盖钧镒

(南京农业大学大豆所, 210095)

## 摘 要

本文综合论述了 RFLP 在大豆种质资源及遗传连锁研究中的应用。自 80 年代后期 RFLP 应用到大豆上, 现已明确了栽培大豆 (*Glycine max*), 野生大豆 (*G. soja*) 和半野生大豆 (*G. gracilis*) RFLP 的变异性, 大量探针已被制备和筛选出来。利用 *G. max* × *G. max* 和 *G. max* × *G. soja* 两类组合已绘制出了含约 550 个基因座 3000cM 的 RFLP 遗传连锁图。一些质量性状基因座和数量性状基因座已被定位到相应的连锁群上。

**关键词** 大豆; RFLP; 种质资源; 遗传连锁; 质量性状; 数量性状基因座

RFLP 作为一个遗传学术语已为遗传学工作者所熟知, 其是 Restriction Fragment Length Polymorphisms 的缩写, 其基本操作过程为: 从植物组织中提取总 DNA, 然后用核酸内切酶酶解, 将酶解后的 DNA 进行琼脂糖凝胶电泳, 将电泳后的 DNA 片段转移到特制的膜上, 在膜上使标有放射性同位素的探针与 DNA 片段杂交, 然后显影分析。其原理是: 一个生物种内的不同类型或作物品种间, 由于染色体结构变异或基因突变, 染色体内的 DNA 碱基排列顺序有所不同。用同一个核酸内切酶酶解后得到的 DNA 片段不同。再用同一个探针与电泳后经转移的位置未发生改变的 DNA 片段杂交, 与探针能互补的片段就可以被检测出来。若类型或品种间被检测出的片段分子量相同, 则电泳后的条带是对齐的, 不存在多态性, 若分子量不同则条带位置不同, 既存在多态性, 为一个酶与一个探针相对应的有用的分子标记。RFLP 分子标记有两种, 显性 (有或缺失一个限制性片段) 及共显性 (有两个以上的分子量不同的限制性片段)。

RFLP 已广泛用于马铃薯、玉米、番茄、水稻及大豆等多种作物的遗传研究中, 本文仅就其在大豆上的应用做一综述。N. R. Apuya 等人于 1988 年最早提出可以将 RFLP 作为

\* 本文于 1995 年 2 月 10 日收到。

This paper was received on Feb. 10, 1995.

分子标记用于大豆遗传学研究。六年多来,美国的科学家应用 RFLP 在大豆上做了许多系统研究。明确了大豆中 RFLP 的变异性,制备并筛选出了大量探针,绘制出了成套的 RFLP 遗传连锁图,并将其与农艺性状和同工酶分析结合起来,在数量性状基因座和质量性状基因座的遗传定位方面进行了有益的探讨。随着技术的不断进步和研究成果的不断累积,现在正逐步扩大研究范围和试材规模。

### 一、RFLP 在大豆种质资源研究中的应用

人们报道,大豆在 DNA 序列水平上缺乏变异性,Apuya 等(1988)的研究结果表明,针对 5 个不同的限制性核酸内切酶消化的 DNA,5 个单拷贝探针只有一个出现多态性,这种低频率的 DNA 序列变异性使得 RFLP 遗传图谱的构建费时费力。因此,对大量的种质资源材料进行鉴定,找出分子水平差异大的材料,利用其配制出分离幅度大变异类型丰富的后代群体,将会有利于构建大豆分子标记遗传图谱,另外,不同品种或类型可以被特定的 RFLP 标记标定,成为其品种特征。这对资源利用,遗传和育种研究很有用处。

1988 年,N. R. Apuya 等对 5 个品种用 27 个探针 5 种内切酶进行了研究。结果表明 Minsoy (PI27890),Noir 1 (PI290136) 之间 RFLP 多态性程度最大,选出了 G-8-15, NP-8, NN-21, 17/15 和 NG-2A 五个探针,可以用以区分 Forrest, Mandarin, Minsoy, Noir 1 和 Sooty 这 5 个品种。

1989 年,P. Keim 等人采用 17 个 RFLP 标记,58 份材料(8 份野生的,2 份半野生的,48 份栽培的)研究了资源材料 RFLP 的变异性,并计算了材料间的欧氏遗传距离(Euclidean genetic distance)。以具有不同等位基因的 RFLP 基因座数目为分子,以计数的 RFLP 基因座总数为分母,求 RFLP 差异的频率,采用 PC-SAS 软件进行主成分分析。结果表明:很多探针都观察到了多条带,其中用 EcoRI 酶切以 pG17-3 为探针得到的 9.6kb 和 6.6kb 的片断从不在同一个材料中出现,而所有的材料或者有这一条或者有那一条,从而表明这两条片断是等位的,存在多态性,可用作遗传标记。M109 RFLP 标记有 3 个等位基因,出现的频率为 0.60,0.26,0.14。这种具有多个等位基因且出现频率即不大( $<0.9$ )又不小( $>0.1$ )的标记进行连锁分析是非常有用的。对于出现频率非常低的稀有标记,则可用作品种的特殊标记。另外遗传变异性比较结果表明,栽培种或野生种内 RFLP 变异总是较小,如 A81-356022 和 Williams82 等 7 个品系在所有 17 个 RFLP 基因座上都是相同的。而种间 RFLP 变异性很大,A81-356022 和来自中国的野生大豆 PI468916 间具有高度的多态性,主成分分析结果表明,所有的野生大豆(*G. soja*)材料第一第二主成分值均高,而两份半野生大豆(*G. gracilis*)距离很近,所有的栽培大豆(*G. max*)两个主成分值从低到高均有,但没有一份材料表现出两个主成分值均高,从而与 *G. soja* 可明显分开。

H. T. Shorupska 和 R. C. Shoemaker 等人(1993)对美国南部成熟组(MG)III-IX 的 108 份栽培资源(包括亲本材料,育成品系和推广品种)进行了 RFLP 的分析。他们所采用的探针是已经定位到用 *G. max*  $\times$  *G. soja* 组合作出的 RFLP 图谱上的。结果表明,83 个 RFLP 探针产生了 95 个标记基因座,52%的探针没有多态性,12%的探针检测出多态性的频率小于 10%,35%的探针在任何两个材料之间检测到多态性的频率高于 0.30,而 pA-176, pA-117, pA-63, pA-635, pA-38, pK-2, pK-644, pA-644, pA-60, B-74, pA-23, pA-685 和 pA-352 的频率高于 0.40。从而认为这组探针可用作骨干分子标

记,分析美国南部地区大豆种质资源农艺性状的遗传连锁。主成分分析结果表明,祖先亲本材料之间的遗传差异最大,成熟期组内分子多态性较小,但是 MG-VI 和 MG-VII 内保留有潜在利用价值的遗传变异性。

A. P. Rao-Arelli 等人(1994)对 29 份抗孢囊线虫病的大豆品种(品系)和两份感病材料 Essex 和 Hutchison 进行了 RFLP 分析,这些材料分别来自阿根廷、中国、日本、俄罗斯和南朝鲜。他们用了 22 个探针,有 13 个检测到了多态性,同时他们采用 RFLP 信息值阵  $GD_R$  估算所有材料间的遗传距离, $GD_R = 1 - S_{xy}$ ,  $S_{xy} = 2N_{xy} / (N_x + N_y)$ ,式中  $N_{xy}$  是 X 和 Y 两个材料具有相同等位基因的 RFLP 基因座数, $N_x$  是 X 材料中的 RFLP 等位基因数,而  $N_y$  是 Y 材料中的 RFLP 等位基因数。结果表明:两个感病材料与其它抗病材料有很大的差别,而 Peking, PI88788, PI404166 虽然都抗大豆孢囊线虫(SCN)3 号小种,但其遗传距离值也很大。现在,他们正在筛选更多探针用以区别不同抗源或标记抗感材料。

## 二、RFLP 在大豆遗传连锁研究中的应用

大豆有 20 对染色体,所以应该有 20 个连锁群,其传统遗传连锁图谱包括 57 个基因座(形态性状,生理性状和同工酶基因座),17 个连锁群,每个连锁群上只有 2-4 个基因座,涉及的染色体长度为 440cM(厘摩) $[\gamma = (1 - e^{-2x})/2, r$ —交换率, $x$ —M(摩尔根)],采用 RFLP 作图后,已涉及 550 多个基因座和 3000cM 以上的染色体。大豆 RFLP 连锁图谱的构建,对有效控制病虫害,改良品质和提高产量都有潜在利用价值。

### 1. 利用栽培大豆(*G. max*)×野生大豆(*G. soja*)杂交组合进行连锁分析

依据分子水平的变异性,表现型差异和未发生染色体易位等条件,P. Keim 等(1990)将 58 份材料中多态性程度最高的两个材料 A81-356022(*G. max*)和 PI468916(*G. soja*)选出,配制了杂交组合。利用其  $F_2$  代,已制作出了一套含 1200 个重组单位(cM)的大豆 RFLP 连锁图,同时鉴定了 RFLP 遗传标记与一些数量性状之间的关系,其  $F_2$  代群体为 60 株,利用  $F_2$  代进行分子标记及质量性状的分析, $F_3$  代测定数量性状,用最大似然分析法对  $F_2$  代分离群体测定了标记间的连锁关系,利用计算机程序“Mapmaker”确立了基因座间的最优顺序,成对的连锁分析最小 LOD 值是 3.0,而对于不同连锁群的成组标记,LOD 取值范围为 3-20。经过分析,150 个 RFLP 标记有 130 个构成了 26 个连锁群,分别以 A, B, C, D……, Z 表示,而另 20 个无连锁。

在制作出 RFLP 连锁图后,他们对 3 个质量性状基因座如种皮色(i),茸毛类型(pd)及种子光泽(scl)及 8 个数量性状基因座(Quantitative Trait Loci, QTL)如开花始期(R1),成熟期(R8),鼓粒持续时期,主茎直径,冠层高度,主茎长度,节间长度及小叶的长宽度进行了定位分析,结果表明:pb 位于 B 连锁群(在传统的 14 群),而 i 位于 A 连锁群(在传统的 7 群),scl 在 E 群上,至少有一个主茎直径 QTL 位于 R 群上,M 连锁群上有几个与 R1 和 R8 连锁的 RFLP 标记,H 群上有与叶长有关的标记,pK-390 与叶宽和冠层高度有关,pR-136 与叶长和冠层高度有关。他们所用的探针对外开放提供。

B. W. Diers(1992)等人利用与上相同的  $F_2$  代群体和 252 个 RFLP 标记,作出了扩展的 RFLP 图谱,包含 31 个连锁群,用 A, B, C, D……, Z1, Z2, Z3, Z4, Z5, Z6 表示,涉及染色体 2147cM,两个相邻标记基因座间的平均距离为 8.5cM,通过分析 60 株  $F_2$  代植株产生的  $F_3$  代家系种子的蛋白质和油分含量,明确了一些分子标记的分离与蛋白质和油分含

量有明显相关性,与这两个品质性状连锁的 RFLP 标记大多数集中在 A 和 K 两个连锁群上,并且 *G. max* 的等位基因与高油含量的关系更密切一些,而 *G. soja* 的等位基因与高蛋白含量的关系更密切一些。与高蛋白质含量关系密切的等位基因则与低油分含量有关,反之亦然,表现出这两种性状的负相关关系。

## 2. 利用栽培大豆×栽培大豆杂交组合进行连锁分析

利用栽培品种间配制杂交组合制作 RFLP 图谱的工作是 K. G. Lark 等人(1993)进行的,采用的两个品种是经鉴定在分子水平差异较大的 Minsoy (PI27890)和 Noir 1 (PI290136)。F<sub>2</sub> 代群体是 69 株,对 F<sub>2</sub> 代单株记录了花色(w1),种皮色(I),茸毛类型(Pb),脐色(R),种皮过氧化物酶(Ep)和 3 个同工酶(Aco4, ME, Idh2),取 F<sub>2</sub> 代单株繁殖的 F<sub>3</sub> 株系各 20 多株,按株系提取混合的 DNA 分析 RFLP 标记,他们也是应用“Mapmaker”程序包进行的连锁分析,两点比较时 LOD 为 3,通过 3 点测验确定了位点的顺序,然后作图。包括 RFLP 标记,同工酶标记,形态性状标记和生化基因座标记共 156 个标记,其中 132 个位于 31 个连锁群上,用 1, 2, 3, …, 31 表示,所包含的染色体长度为 1550cM,还剩下 24 个多态性标记未发现连锁关系。

与 *G. max* × *G. soja* 为试材所做的 RFLP 图谱比较可知,采用种间杂交组合中有多态性的探针,在此组合中出现多态性的频率也是很高的,同时可以推论采用相同的探针,对两类组合进行分析,得到的连锁群应是相似的,但是,只有 7 个连锁群(1, 2, 3, 4, 6, 7, 31)符合此推论,即分子标记连锁距离不同而顺序相同。这表明一个特定的探针,在两类组合中会鉴定出不同的多态性片段。另外,栽培种间杂交组合多态性频率低,利用其构建一个遗传图谱更为困难。但是利用此类组合有其优势,便于对产量、株高及倒伏等数量性状进行遗传分析, L. M. Mansur 等人(1993 年)利用以 Minsoy × Noir 1 杂交组合做出的连锁图及这个组合 F<sub>2</sub> 代 69 个单株衍生的 69 个家系,利用区间作图法(Interval mapping)对控制 R1, R5, R8, 鼓粒期,生殖生长期,叶面积,植株高度,节间长,倒伏度,冠层高度,百粒重,蛋白质含量,油分含量和种子产量的数量性状基因座进行了连锁定位分析。区间做图法是 Lander Bötstein(1989)介绍的分析方法,通过此方法可以将一个数量性状基因座(QTL)定位到一对质量性状标记间的染色体片段上,有效地对 QTL 进行区间作图需要利用从遗传连锁图上获取的信息。如 L. M. Mansur 等用的是 Mapmaker—QTL0.9 版本,利用这个软件首先对每个性状算出 QTL 最大似然值,然后再算出这个似然值的对数值即 LOD 值,若 LOD ≥ 2.5,则认为所定义的区域含有与此性状有关的 QTL,因其所采用的材料是 F<sub>2</sub> 代家系,所以应用加性模型。结果表明,14 个数量性状中 11 个其基因座位于 6 个连锁群的一段区间内,发育时期及形态性状如 R1, R5, R8, 株高,冠层高度等的 QTL 集中于连锁群 2, 15, 16 的 3 个区段内,即 A397—BLT29, A584—R79 和 A385—G173 之间,而产量性状的 QTL 与连锁群 2, 15 的上述性状紧密连锁,位于 A109a—A397 和 A584—R79 之间。从中可以看出 14 个连锁群上的 R79 基因座和 2 个连锁群上的 A397 及 BLT29 与 R1, R8, 生殖生长期,叶面积及产量关系密切,油分含量的 QTL 分别位于 3, 9 连锁群的 T153a—A111 和 BCI—A315 之间,与其它性状是分开的, L. M. Mansur 等人除了采用了 31 个连锁群进行了区间作图与连锁分析外,对 24 个未连锁的 RFLP 标记也与有关性状进行了连锁分析,发现种子蛋白质含量与 L48 标记有关。

利用 Minsoy  $\times$  Noir 1 这个组合后代材料, L. M. Mansur, J. Orf 和 K. G. Lark 等人正在继续有关利用 RFLP 标记定位 QTL 方面的研究。如他们利用由这个组合选出的 284 个重组自交系 (Recombinant Inbred Lines, RIL), 和以前用过的 R79, A397 和 A60 三个探针, 对成熟期, 株高, 倒伏度和产量的 QTL 进行了分析。重组自交系的培育过程为: 自  $F_2$  开始, 每个世代从每个单株上随机选一粒种子种下, 令其自交, 直至  $F_7$  代, 单株脱粒, 做为一个 RIL 分别保存。针对每个性状, 从这些系中选出具有极端表现型的系 (如最晚熟和最早熟), 将选出的重组自交系的 DNA 提取出来, 系内混合, 然后极端类型系间比较, 如果一个 RFLP 标记与某个 QTL 没有连锁关系, 则在这两个系的 DNA 中含有相同的 RFLP 等位基因, 而如果一个 RFLP 标记与某个 QTL 有连锁关系, 则在这两个极端型系的 DNA 中含有不同的 RFLP 标记基因。结果表明 R79 与株高有连锁关系, A397 与成熟期, 株高, 倒伏度和产量均有连锁关系。利用这些 RIL, K. G. Lark 等人 (1994) 还分析了蛋白质和油分含量与 RFLP 基因座间的连锁, 结果表明, 这两个品质性状的 QTL 与 R183 连锁, 到目前为止, 已通过选用 225 个 RIL 和 200 多个 RFLP 标记对多个质量性状基因座及数量性状基因座进行了研究, 包括花色、种皮色、脐色、过氧化物酶活性、茸毛类型、根部荧光, R1、R8、株高、倒伏度、叶长、叶宽、叶面积、百粒重、蛋白质含量和产量等 (J. H. Orf 等, 1994)。

### 3. 利用近等基因系进行连锁分析

除利用上述两类杂交组合外, 大豆中育成的近等基因系为 RFLP 做图提供了很有利用价值的研究材料。利用这些材料可以将 RFLP 基因座和传统基因座定位到一个连锁群上。利用近等基因系 (Near-Isogenic Lines, NIL) 进行基因连锁分析的原理是: 通过回交将供体亲本 (Donor Parent, DP) 中的传统基因座转育到轮回亲本内 (Recurrent Parent, RP) 的过程中, 得到的材料与 RP 除了所转育的基因座外, 遗传基础基本相同, 所以称为近等基因系, 但是在 NIL 的染色体组上也保留有少量的 DP 带来的分子标记。而这少量的分子标记中的大多数是与转育的传统标记连锁的。通过分析 RP/NIL/DP 的分子标记, 若 NIL 具有与 DP 相同而与 RP 不同的分子标记, 则可以初步认定此分子标记与转育的性状基因座连锁。Muehlbauer 等 (1988) 提出了一个假设, 一个具有 20 条长为 50cM 的染色体的物种, 随机选择 100 个分子基因座, 将有 4 个保留在  $BC_5F_1$  衍生出的 NIL 中, 而其中 2—3 个位于转育基因座所在的染色体上, 其它的随机散布于其它染色体上, 用带有不同基因的 NIL 互相杂交或将 NIL 与 RP 杂交, 据  $F_2$  代群体或  $F_3$  株系群的分离数据, 可以确证这种连锁。

G. J. Muehlbauer 等利用 66 个 Clark 的 NIL 和 50 个 Harosoy 的 NIL 进行了有关分析, 他们采用的探针是以前在  $G. max \times G. max$  和  $G. max \times G. soja$  两类组合中检测 RFLP 时用过。分析结果表明有 12 个 Clark 的 NIL 和 3 个 Harosoy 的 NIL 具有与 DP 相同, 与 RP 不同的 RFLP 标记, 这些供体材料为 T125, T135, T145, PI86024, PI101404B, Higan, kingwa 涉及到的分子标记有 pK-3, pK-7, pK-146, pK-696, pK-229 和 pK-472, 传统基因座有 R/r<sup>m</sup>/r, Y9/y9, Lfl/lfl, Rpsl/rpsl, S/s'/s, Pa2/pa2 和 Ab/ab, 利用 3 个 NIL 配制了两个组合, I: Clark — E1E1ttP1P1RR  $\times$  Clark — e1e1TTp1plrr, II: Harosoy — LflLflnl-ny9y9 PdIPdldtldt1  $\times$  Harosoy。组合 I 的  $F_2$  群体中 (34 株) pK-3 与 r 和 P1 共分离, pK-3 与 r 间的遗传距离为  $14.3 \pm 4.6cM$ , 而与 P1 间为  $16.2 \pm 5.0cM$ , P1 与 r 间为  $10.9 \pm$

4.0cM,顺序可能是P1-r-pK-3,pK-3是位于大豆RFLP的G连锁群上,而P1和r已知是位于第二传统连锁群上,在组合Ⅰ的F<sub>2</sub>代群体中(31株)pK-472与lf共分离,遗传距离为 $14.1 \pm 4.82\text{cM}$ 。B. W. Diers等(1992年)用7个Williams(Williams对所有的根腐病菌小种都是感病的)的NIL和141个探针对抗根腐病的5个基因Rps1、Rps2、Rps3、Rps4、Rps5和Rj2(无效根瘤)基因进行了分子标记的遗传分析。利用Williams与NIL杂交的F<sub>2</sub>代(70株)分析RFLP,据F<sub>3</sub>代株系表现分析F<sub>2</sub>单株的抗根腐病基因型,然后利用计算机程序Linkage I进行两点连锁分析,Mapmaker进行3点以上的连锁分析。结果表明Rps1-K位于pK395-pK418之间,在K连锁群上;Rps2和Rj2位于连锁群L上,与pA-233连锁密切;Rps3位于E群上,在pA-186和pR-45之间,Rps4与Rps5是连锁的,同时明确Rps4与pA-586和pT-5是连锁的。

#### 4. 对简单遗传病害抗性基因座的连锁分析

利用RFLP对简单遗传的其它病害的抗性基因座也开展了一定程度的连锁研究。Y. G. Yu等人(1994)利用抗SMV的品种PI96983和感病的品种Lee68配置了杂交组合,应用了107个单一序列或低拷贝的探针,分析了抗病基因座Rsv与RFLP标记的连锁关系,其F<sub>2</sub>群体比以往的研究者大,为107株,从F<sub>2</sub>单株叶片上提取DNA进行RFLP分析,再据F<sub>3</sub>代的抗性表现推出F<sub>2</sub>代单株的抗性基因型。其所用的SMV株系是G1;首先对双亲进行多态性分析,结果107个探针与3个内切酶(HindⅢ、EcoRI和DraI)对应,有20个探针产生多态性,并通过连锁分析,将Rsv定位到了E连锁群上。然后利用计算机软件Mapmaker2.0进行多点连锁分析,结果表明,pA186和pK644a这两个RFLP基因座与Rsv的遗传距离很近,为1.5和2.1cM,同时他们比较Williams和以PI96983为DP的NIL,证实了他们的结果。

V. Concibido(1993),用抗大豆孢囊线虫的品系M85-1430和感病的M83-15配制了杂交组合,利用45个RFLP标记,其F<sub>2</sub>代群体为56株,与上所谈及的类似,取F<sub>2</sub>代单株鲜叶提取DNA分析RFLP基因座,然后用F<sub>3</sub>代家系分析F<sub>2</sub>代抗性基因型,结果证实,pB32与pA85与抗3号小种的抗性基因有连锁关系。

综上所述,RFLP在大豆的研究上正不断深入,但其中也存在一些问题,首先是试验材料不多,如系统进行研究的只有Minsoy×Noirl(*G. max* × *G. max*)和A81-356022×PI468916(*G. max* × *G. soja*)两个组合,且所用的材料不同,得到的RFLP连锁图不同,影响了这些RFLP图谱的应用,另外RFLP图谱的连锁群数目与大豆的实际连锁群数目不符,且有些标记还未能被定位,具有连锁关系的基因座间,有的顺序还不能确定,在RFLP连锁图与传统连锁图之间的统一方面,工作做得还不多,这些都需要多学科多单位间的协作,使其潜在的利用价值得以更大程度地被挖掘出来,从而在种质资源的研究方面开拓新的领域,使大豆的遗传连锁研究跨入一个新阶段。同时为以后开展基因工程,分离有关基因及培育转基因植物创造基础条件。

## 参考文献

- [1] Apuya N. R. et al. , 1988, Restriction fragment length polymorphisms as genetic markers in soybean, *Glycine max* (L.) Merrill, Theor. Appl. Genet. 75, 889—901
- [2] Concibido V. et al. , 1993, RFLP Mapping of Cyst Nematode Resistance Genes in Soybeans, Soybean Genetics Newsletter, 136—139
- [3] Diers B. W. et al. , 1992, RFLP analysis of soybean seed protein and oil content, Theor. Appl. Genet. 83, 608—612
- [4] Diers B. W. et al. , 1992, Mapping Phytophthora Resistance Loci in soybean with Restriction Fragment Length Polymorphism Markers, Crop Science 32, 377—383
- [5] Keim. P. , R. C. Shoemaker and R. G. Palmer, 1989, Restriction fragment length polymorphism diversity in soybean, Theor. Appl. Genet. 77, 786—792
- [6] Keim P. et al. , 1990, RFLP Mapping in Soybean, Association Between Marker Loci and Variation in Quantitative Traits, Genetics, 126, 735—742
- [7] Lark K. G. et al. , 1993, A genetic map of soybean (*Glycine max* L.) using an intraspecific cross of two cultivars, Minsoy and Noir 1, Theor. Appl. Genet. 86, 901—906
- [8] Lark K. G. , J. Orf and L. M. Mansur, 1994, Epistatic expression of quantitative trait loci (QTL) in soybean [*Glycine max* (L.) Merr.] determined by QTL association with RFLP alleles, Theor. Appl. Genet. 88, 486—489
- [9] Mansur L. M. et al. , 1993, Interval mapping of quantitative trait loci for reproductive, morphological, and seed traits of soybean (*Glycine max* L.), Theor. Appl. Genet. 86, 907—913
- [10] Mansur L. M. et al. , 1993, Determining the linkage of quantitative trait loci to RFLP markers using extreme phenotypes of recombinant inbreds of soybean (*Glycine max* L. Merr.). Theor. Appl. Genet. 86, 914—918
- [11] Muchlbauer G. J. et al. , 1991, RFLP mapping using near-isogenic lines in the soybean [*Glycine max* (L.) Merr.], Theor. Appl. Genet. 81, 189—198
- [12] Orf J. H. , L. M. Mansur and K. G. Lark, 1994, Recombinant Inbred Line Population from the Cross Minsoy × Noir 1, Soybean Genetics Newsletter, 210—211
- [13] Palmer R. G. , R. C. Shoemaker and B. Rennie, 1987, Approved Soybean Gene Symbols, Soybean Genetics Newsletter, 41—58
- [14] Rao—Arelli A. P. et al. , 1994, DNA Fingerprinting of Soybean Accessions with Resistance to Soybean Cyst Nematode, Soybean Genetics Newsletter, 212—218
- [15] Skorupska H. T. and R. C. Shoemaker et al. , 1993, Restriction Fragment Length Polymorphism in Soybean Germplasm of the Southern USA, Crop Science, 33, 1169—1176
- [16] Yu Y. G. et al. , 1993, RFLP and Microsatellite Mapping of a Gene for Soybean Mosaic Virus Resistance, Phytopathology, 84(1), 60—64

## REVIEW OF STUDIES ON SOYBEAN GERMPLASM AND GENETIC LINKAGE WITH RFLP

Zhang Zhiyong Gai Junyi

(Soybean Research Institute, Nanjing Agricultural University, 210095)

### Abstract

RFLP diversity in soybean including cultivated cultivars (*G. max*), semi-cultivated (*G. gracilis*) and wild species (*G. soja*) was identified. RFLP genetic maps containing 550 loci and 3000cM were presented depending on interspecific and intraspecific crosses. Many probes are available for public or private research. To date some qualitative and quantitative trait loci have been located on relevant RFLP linkage groups.

**Key words** Soybean; RFLP; Germplasm; Genetic linkage; Qualitative trait; Quantitative trait loci

### 欢迎订阅《世界农业》

《世界农业》(月刊)是由中华人民共和国农业部主管,中国农业出版社编辑出版专门介绍国外农业的综合性刊物,广泛介绍世界各国农林牧副渔各业的最新成果、经验、以及发展动向,为我国农业现代化服务。

《世界农业》主要栏目辟有:农业经济、农村金融、国外考察、国外通讯、各学科专题论述、农业科研机构、农业教育、中外合作、国际会议、国际经贸与市场、科技动态、各地报刊文章选登、世界农业统计资料、信息桥等,并承担中外广告业务。可供各级农业领导干部,科技人员,院校师生,国营农(垦)场职工,乡镇企业职工,专业户以及对农业感兴趣的各界人士参考阅读。

本刊为月刊,每月10日出版,16开本,每期64页,定价4.00元,全国各地邮局均可订阅,代号82-130,国外总发行为中国出版对外贸易总公司(北京782信箱)。