

大豆 QTL 定位的研究进展^{*}

张忠臣 战秀玲 陈庆山^{**} 滕卫丽 杨庆凯 李文滨^{**}
刘迎雪 郭 强 张丽娜

(东北农业大学大豆研究所, 150030 哈尔滨)

摘要 QTL 定位就是以分子标记技术为工具,以遗传连锁图谱为基础、利用分子标记与 QTL 之间的连锁关系确定控制数量性状的基因在基因组中的位置。本文综述了大豆农艺性状、生理性状、抗虫性状等的 QTL 定位及分子标记辅助育种的研究进展。

关键词 大豆; 数量性状基因座(QTL); 分子标记; 基因定位; 分子辅助育种(MAS)

中图分类号 S 565.1 文献标识码 A 文章编号 1000-9841(2004)03-0222-06

大豆作为重要的粮食作物,为人类提供主要的植物蛋白和油分。大豆蛋白质在豆科作物中的蛋白质含量最高,并含有较多的必需氨基酸,尤其是赖氨酸、蛋氨酸、色氨酸的含量分别是玉米的 9、25 和 6 倍^[1]。大豆油又是我国人民主要食用油,其消耗率高,含有大量的不饱和脂肪酸,与动物油相比,胆固醇含量低,长期食用可减少心脑血管疾病、癌症、糖尿病等。在许多亚洲国家,大豆已成为饮食的重要组成部分。人们对食品级大豆的需求在国内外市场上逐渐上升^[2]。因此,大豆品质性状的遗传改良,已被国内外大豆育种工作者列入主要的研究目标。

1 QTL 定位的基本原理和方法

QTL(Quantitative Trait Loci)即数量性状基因座位,是控制数量性状的基因在基因组中的位置。QTL 定位(QTL Mapping)是检测分子标记和 QTL 间的连锁关系,估计 QTL 的效应利用分子标记进行遗传连锁分析,检测出 QTL。

QTL 定位常用的群体主要有 F₂ 代群体、BC₁ (回交一代)群体、RI(重组自交系)群体和 DH(双单倍体)群体等初级群体。由于 QTL 定位的数量性状是连续变异的,无法进行明确分组,只是利用分子标记和 QTL 之间的连锁关系,对个体进行不完全

分组,方法主要有两类:一类是基因标记的分析方法(marker-based analysis),包括均值差检验法、性状-标记回归法、性状-QTL 回归法和性状-QTL-标记回归法;另一类是基于性状的分析方法(trait-based analysis),常用的是 BSA 法(分离群体混合分析法)^[3]。

2 大豆 QTL 研究现状

大豆品质性状等数量性状由于受多基因和环境条件共同影响,因此,传统的数量遗传学无法确定控制这些性状的 QTLs 的数目、单个 QTL 的遗传效应及其在染色体上的位置。分子遗传学的发展和 RFLP、RAPD、SSR、AFLP 等分子标记技术的完善,尤其是高密度遗传连锁图谱的构建,使得数量性状基因座(QTL)定位和确定其在染色体上的位置变成了现实。目前,大豆数据库网址上已报道的有 434 个^[4],本文报道了 322 个 QTL,数据的差异可能来自统计方法的不同。而且在本文中,有 164 个 QTL 解释表型变异达到 10%以上。本文按大豆性状差异归纳如下。

2.1 农艺性状

在农艺性状中共发现了 103 个 QTL。Boerma 等报道了控制大豆株高的 QTL 有 14 个,4 个 QTL

^{*} 收稿日期:2003-11-21

基金项目:国家 863 计划(2002AA207007, 2001AA241063, 2001AA211041)、哈尔滨市青年基金(2002AFQXJ043)、国家自然科学基金(31040634)资助项目

^{**} 通讯联系人

作者简介:张忠臣(1978-),男,硕士研究生,从事分子标记辅助育种。E-mail: zhongchenzhang@hotmail.com

解释表型变异达到 10% 以上; 在 10 个控制大豆成熟期 QTL 中, 7 个 QTL 解释表型变异达到 10% 以上; 与倒伏性相关的 QTL 有 10 个, 其中 5 个 QTL 解释表型变异达到 10% 以上; 与裂荚性和种皮硬度有关的 QTL 均为 5 个, 解释表型变异达到 10% 以上分别有 3 个和 5 个; 与开花期有关的 QTL 有 8 个, 一半解释表型变异达到 10% 以上; 与生育期相关的 QTL 也有 8 个, 其中 5 个解释表型变异达到 10% 以上; 与粒重有关的 QTL 有 23 个, 只有 6 个 QTL 解释表型变异达到 10% 以上; 与子粒产量有关的 QTL 有 4 个, 2 个 QTL 解释表型变异达到 10% 以上; 与冠层高度有关的 QTL 有 3 个, 且解释表型变异均达到 10% 以上^[4]。Mansur 等利用 Monsoy-Noirl 的 RI 群体发现了与 Satt006 和 Satt79 相连锁且与株高有关的 QTL 表型变异解释率分别为 31.6 和 18.1; 与 Satt006 和 A109a 连锁抗倒伏的 QTL 表型变异解释率分别为 27.7 和 17.7; 与 A109a 和 R79 连锁、控制开花期的 QTL 表型变异解释率分别为 31.1 和 22.3; 与 Satt006、R79 和 A109a 连锁控制成熟期的 QTL 表型变异解释率分别为 12.3、18.6 和 19.4; 与 K443 连锁控制粒重的 1 个 QTL 表型变异解释率为 10.8; 与 R79 连锁控制产量的 QTL 表型变异解释率为 12.5^[5]。Csanadi 等将与 Satt219 和 Satt562 连锁、与粒重相关的 2 个 QTL 定位在 O 和 I 连锁群上, 这 2 个 QTL 分别解释了总变异的 12.0% 和 11.6%^[6]。Mian 等发现与除草剂 (C15H15N4SO6) 敏感性有关的 QTL 有 3 个, 1 个 QTL 解释表型变异达到 10% 以上^[7]。Keim 等发现了与茎粗有关的 3 个 QTL 且解释表型变异均达到 10% 以上^[8]。另外, Diers 等发现了与缺铁性黄萎病有关的 QTL 有 7 个, 仅有 1 个 QTL 解释表型变异达到 10% 以上^[10]。

2.2 种子组分性状

Rao 等也报道了与种子组分性状有关的 QTL 共有 75 个, 其中 46 个 QTL 解释表型变异达到 10% 以上。尤其是控制蛋白质含量的 QTL 有 32 个, 解释表型变异达到 10% 以上的有 18 个; 同时也发现了 24 个与油分相关的 QTL, 13 个解释表型变异达到 10% 以上; 与亚麻酸有关的 QTL 有 3 个, 且表型变异解释率均达到 10% 以上。Csanadi 等将 4 个 SSR 标记定位在 D1a、C2、M 和 K 上, 3 个与油分有关的 QTL 定位在 B2、K 和 I 上。Qiu 等发现了 2 个 RFLP 标记 B072 在 H 连锁群上; B148 在 F 连锁群上, 共同解释表型变异的 32%; B072 又与油分相

关, 并解释表型变异的 21%^[9]。Diers 等发现了 8 个表型变异解释率分别是 42%、39%、24%、25%、24%、19%、16% 和 12%、与蛋白含量相关的 QTL 分别被 RFLP 标记 pK-11a、pA-407a、pA-144、pA-688、pSAC-7a、pA-242b、pA-23 和 pA-245a 定位在连锁群 K、A 和 C 上; 同时发现了 9 个表型变异解释率分别是 43%、39%、32%、27%、27%、28%、23%、22% 和 18%、与油分含量有关的 QTL, 分别被 RFLP 标记 pSAC-7a、pA-242b、pA-23、pb、pK-11A、pA-407a、pA-454、pK-229 和 pA-203 定位在连锁群 K 上^[10]。Lee 等发现了 8 个表型变异解释率为 12.5%、11.1%、10.1%、11.2%、10.2%、10.0 和 13.8%、与蛋白含量相关的 QTL 分别被 RFLP 标记 gac197-1、EV3-1、A338-1N、A071-1、B142-1、A352-1 和 A199-3 定位在 C1、N 和 UNK1 上; 发现的 1 个表型变异解释率为 12.9%、与油分含量有关的 QTL, 被 cr142-1 定位在 R 连锁群上^[11]。庄炳昌采用野生大豆“新民 6”和栽培大豆“长农 4”种间杂交得到的 F₉ 代重组自交系及其刘峰等的分子遗传图谱对大豆子粒蛋白含量、脂肪含量、氨基酸含量、等 23 个品质性状进行了遗传分析和 QTL 定位, 将与脂肪酸含量相关的 2 个 QTL 定位于 M 和 O 连锁群上, 这 2 个位点分别揭示了 25.3% 和 17.1% 的变异。Diers and Shoemaker 发现了与亚油酸、油酸和棕榈酸有关的 QTL 均为 3 个, 且表型变异解释率均达到 10% 以上^[12]。Maughuan 等发现了 7 个控制蔗糖含量的 QTL, 其中 3 个表型变异解释率均达到 10% 以上, 而且分别有 3 个 QTL 与油分含量和蛋白质含量显著相关^[13]。

2.3 豆芽

Lee 等发现了与豆芽产量、胚轴长度和畸形幼苗有关的 QTL 分别为 4 个、3 个和 3 个, 其中与 A089、A235 连锁、控制豆芽产量的 2 个 QTL 表型变异解释率分别为 19% 和 11%; 与 K011n 连锁、与胚轴长度有关的 1 个 QTL 表型变异解释率为 11%; Bng222 连锁、控制畸形幼苗的 1 个 QTL 表型变异解释率为 12%^[14]。

2.4 抗病虫性

Tamulonis 等发现了与抗根结线虫有关的 QTL 共 6 个, 且表型变异解释率均达到 10% 以上, 其中有 2 个抗性基因已被 2 个 RFLP 标记 G248A-1、K493H-1 和 2 个 SSR 标记 Satt358、Satt012 定位在 O 和 G 连锁群上^[15-17]。Rector 等共发现了 16

个抗棉铃虫的 QTL, 其中 12 个表型变异解释率达到 10% 以上, 而且已经将 9 个抗落叶害虫的 QTL 定位在 PI229358、PI227687 和 PI171451 上^[18-20]。Terry 等发现与幼虫发育的主效基因有关的 1 个 QTL 被定位在 U2 连锁群上其表型变异解释率在“Minsoy”和“*Noir 1*”、Minsoy 和 Archer 形成的 RI 群体中分别高于 12% 和 28%^[21]。此外, 与抗大豆胞囊线虫有关的 QTL 有 23 个, 13 个 QTL 表型变异解释率达到 10% 以上。Wang 等发现了与 Satt598 和 A245-1 连锁、抗大豆胞囊线虫 3 号生理小种的 QTL 表型变异解释率在 F2: 4 群体和 BC1F2 群体中分别是 23% 和 27%、26% 和 36%; 并定位在 E 和 G 连锁群上^[22]。I. Schuster 等发现了 1 个抗大豆胞囊线虫的 QTL, 并定位在 D2 连锁群上; Yue 等在 PI438489 群体中, 发现了 3 个抗 1 号生理小种的表型变异解释率为 12.7%、11.7% 和 15.8% 的 QTL, 分别定位在 B1、B2、和 G 连锁群上 Satt583-Sat-123、Satt168-A329 和 A096-Satt130 区间内; 2 个抗 2 号生理小种表型变异解释率为 10.2% 和 12.8% 的 QTL, 分别定位在 C1 和 G 连锁群上 A463-Satt396 和 A096-Satt130 区间内; 3 个抗 3 号生理小种的表型变异解释率为 19.1%、10.7% 和 13.6% 的 QTL, 分别定位在 A2、D1a 和 G 连锁群上 K400-T155、A398-K478 和 Satt130-Satt012 区间内; 1 个抗 5 号生理小种的表型变异解释率为 11.0% 的 QTL, 定位在 B1 连锁群上 Satt583-Sat-123 区间内; 2 个抗 14 号生理小种的表型变异解释率为 11.1% 和 18.7% 的 QTL, 定位在 C1 和 E 连锁群上 A059-A463 和 A656-Satt452 区间内^[23]。Qiu 等发现 5 个 RFLP 标记 A593、T005、A018、K014 和 B072 显著与抗 1 号生理小种的 QTL 连锁; 而且 T005、K014 和 B072 与抗 3 号生理小种的 QTL 也紧密连锁; A963 和 K011 与抗 5 号生理小种的 QTL 连锁^[24]。蒙忻等(2003)大豆胞囊线虫 4 号生理小种抗性的 QTL 定位, 检测到了 3 个 QTL, 在 G 连锁群上距 Satt610 标记 2.5cM 处存在一个 QTL, 命名为 *rgl-R4g1*, 可解释表型变异为 15.87%; 在 A 连锁群上距 Sat162 标记 0.2cM 处和距 BSC 标记 1.6cM 处各有一个 QTL, 分别命名为 *rgl-R4a1* 和 *rgl-R4a2*, 可解释表型变异分别为 11.31% 和 6.15%。Iqbal 等报道了与抗大豆猝倒病有关的 QTL 有 7 个, 且表型变异解释率达到 10% 以上, 其中 4 个抗大豆猝倒病的 QTL 被 BARC-Satt214、BARC-Satt309、BARC-Satt570

和 OEO21000 定位在 G 连锁群上, 表型变异解释率分别为 24.1%、16.3%、19.2% 和 12.6%^[25]。V. N. Njiti 等发现了 2 个抗大豆猝倒病的 QTL 表型变异解释率为 16.0% 和 15.6%, 分别与 BARC-Satt163 和 BARC-Satt080 连锁, 并被定位在 G 和 N 连锁群上; 同时在 C2 连锁群上发现了 1 个抗大豆猝倒病的 QTL 与 BARC-Satt307 相连锁, 表型变异解释率为 13.6%^[26]。Lewers 等发现了 2 个与抗茎枯病有关的 QTL, 在 AAGATG152E 和 A-CAAGT260 之间发现了 1 个主效 QTL, 在 RGA31-3 和 RGA31-2 之间发现了 1 个微效 QTL^[27]。Kim and Diers 等发现了 29 个与抗菌核病相关的 QTL, 其中仅有 2 个 QTL, 解释表型变异分别为 11.9% 和 11.0%, 分别与 IaSU-A226H-1 和 OAA15750 相连锁并定位于 M 和 C2 连锁群上^[28]。

2.5 生理性状

与生理性状有关的 QTL 共 61 个, 只有 16 个 QTL 表型变异解释率达到 10% 以上。Mian 等发现了与水分利用率、特定叶片重、叶片灰分和早期植株活力有关的 QTL 分别为 5 个、6 个、5 个和 5 个, 其中与水分利用率和叶片灰分有关的 QTL 有 2 个解释表型变异达到 10% 以上; 与特定叶片重和早期植株活力有关的 QTL 中有 3 个达到 10% 以上^[29-32]。Specht 等发现了 1 个与碳同位素吸收有关的 QTL, 但其表型变异解释率低于 10%^[33]。Bianchi-Hall 等发现了 6 个耐铝的 QTL, 但只有 1 个 QTL 解释表型变异达到 10% 以上^[34]。Van Taio 等发现了 1 个与 Sat-064 连锁与涝害有关的 QTL, 且该 QTL 解释表型变异达到 10% 以上^[35]。Mansur 等发现了与叶长和叶宽有关的 QTL 分别为 6 和 10 个, 解释表型变异达到 10% 以上的 QTL 均是 4 个, 且与 Sat1006 连锁的 QTL 解释表型变异达到 10.2%; 与 R79 连锁的 QTL 解释表型变异达到 14.1%^[35]。

3 分子标记辅助育种

分子标记辅助选择(MAS marker assisted selection)对提高作物性状选择效率的潜力正在被广泛研究^[36-37]。在作物育种中, 分子标记辅助选择的一般应用包括: 亲本选择; 回交群体中轮回亲本的恢复; 早代性状选择和多个性状的选择。另外, Tanksley 和 Nelson 提出了高代回交 QTL 分析法, 以发现目的 QTL 并将其从未改良的供体亲本转移到优良品种^[38]。

3.1 亲本选择

最近报道, 美国当代的大豆育种群体已出现了遗传基础狭窄的问题^[39, 40]。Thompson 和 Nelson 也证实了外来大豆资源对高产育种的潜力^[41]。本实验室已经构建了美国品种 Charleston 和我所的东农 594 杂交得到的 F₁₀ 代 RI 群体, 并用于油分等重要农艺性状的 QTL 定位及分子标记辅助育种。

3.2 轮回亲本的恢复

目前, 通过控制优良性状基因渗入来增加大豆价值和转基因的重视已提高了回交在大豆品种选育中的应用。Hospital 等和 Visscher 等证实了应用分子标记辅助选择较随机回交可节省 1—2 代^[42, 43]。Boerma 等用 SSR 标记和 25—30 个耐草甘膦回交群体进行了实验, 并取得了可喜的结果。

3.3 早代性状选择

早代性状选择主要表现在抗虫性方面。传统的杀虫剂已经广泛应用于大豆害虫的控制。但是, 为了减少对杀虫剂的依赖和药效残留对人畜的危害, 分子标记辅助选育抗虫品种成为一条可行性战略。Rector 等已经在 PI229358、PI227687 和 PI171451 上定位了 9 个抗落叶害虫的 QTL, 这些 QTL 的抗性等位基因的选择将提高大豆抗虫筛选的效率。

3.4 多个性状的选择

耐旱性筛选是多个性状选择的一个鲜明例子, 其影响因子有耐铝性、水分利用率等。美国在中国和日本的大豆资源中广泛筛选并发现了一个品种 PI416937, PI416937 在严重水分胁迫时较当代大豆品种延迟萎蔫, 并有较少的减产^[44]。Bianchi—Hall 等用 Young 和 PI416937 杂交的 F₄ 代群体, 发现了 6 个与调控耐铝性的 QTL 相连锁的 RFLP 标记。

4 展望

由于人们对高品质的大豆食品的需求日益高涨, 迫使育种者不断寻求最佳解决方法, 以便定位这些控制品质等数量性状的基因, 使得分子标记辅助的 QTL 定位近些年发展比较迅速。特别是在美国, 一些以 DNA 标记为基础的项目, 如与抗线虫、耐旱和大豆食品等性状相关的 QTL 定位, 也在有条不紊的进行着。虽然目前 QTL 定位主要只是初级定位, 还很少能做到精细定位, 但随着大豆遗传连锁图谱的日益完善, 并结合分子标记技术的逐渐成熟, 已可以把控制一个复杂性状的多个 QTL 分解开来, 并且确定各 QTL 在染色体上的大体位置及

其效应等, 加深人们对数量性状遗传基础的认识。随着作物 QTL 定位研究的深入, 特别是高密度遗传图谱的构建以及更为有效的统计分析方法的诞生, 以及 SNPs 的出现, 可以预期, QTL 定位研究将在 QTL 精细定位、分子标记辅助 QTL 选择以及 QTL 克隆分离等方面将分阶段实现目标最终为分子标记辅助育种和图位克隆奠定基础。

参 考 文 献

- 1 庄炳昌. 中国野生大豆的遗传多样性及品质性状 QTL 定位[D]. 中国农业大学博士学位论文, 2002
- 2 M. S. S. Rao, B. G. Mullinix, M. Rangappa et al. Genotype× environment interactions and yield stability of food—grade soybean genotypes[J]. Agronomy Journal. 2002, 94(1).
- 3 方宣钧, 吴为人. 作物 DNA 标记辅助育种[M]. 北京: 科学出版社. 2001. 41—42.
- 4 H. R. Boerma, M. A. R. Mian. Application of DNA markers for selection of intractable soybean traits[J]. Korea Soybean Digest. 1998, 15(2): 106—121.
- 5 Mansur L. M., J. H. Orf, K. Chase et al. Genetic mapping of agronomic traits using recombinant inbred lines of soybean[J]. Crop Sci. 1996, 36: 1327—1336.
- 6 Csanadi G. J., Vollmann G. Shift, T. Lelley. Seed quality QTLs identified in a molecular map of early maturing soybean[J]. Theor. Appl. Genet. 2001, 103: 912—919.
- 7 M. A. R. Mian, E. R. Shiye, J. Alvernaz et al. RFLP analysis of chlorimuron ethyl sensitivity in soybean[J]. J. Hered. 1997, 88: 38—41.
- 8 Keim P., Diers B. W., Olson. T. C. et al. RFLP mapping in soybean: Association between marker loci and variation in quantitative traits[J]. Genetics 1990, 126: 735—742.
- 9 Qiu, B. X., P. R. Arelli, D. A. Sleper. RFLP markers associated with soybean cyst nematode resistance and seed composition in a 'Peking' x 'Essex' population[J]. Theor. Appl. Genet. 1999, 98: 356—364.
- 10 Diers B. W., Mansur L. M., J. Imsande et al. Mapping phytophthora resistance loci in soybean with restriction fragment length polymorphism markers[J]. Crop Sci. 1992b, 32: 377—383.
- 11 Lee S. H., M. A. Bailey, M. A. R. Mian et al. Identification of quantitative trait loci for plant height lodging and maturity across population segregating for growth habit[J]. Theor. Appl. Genet. 1996a, 92: 516—523.
- 12 Diers B. W., Shoemaker, R. C. Restriction fragment length polymorphism analysis of soybean fatty acid content[J]. JAOCS. 1992c, 69: 1242—1244.
- 13 Maughan P. J., M. A. Sagh, Maroof M. A., et al. Identification of quantitative trait loci controlling sucrose content in soybean (*Glycine max*) [J]. Molecular Breeding. 2000, 6: 105—111.
- 14 Lee S. H., K. Y. Park, H. S. Lee, et al. Genetic mapping of QTLs

- conditioning sprout yield and quality [J]. Theor. Appl. Genet. 2001, 103: 702—709.
- 15 Tamubnis J. P., B. M. Luzzi, R. S. Hussey et al. DNA marker analysis of loci conferring resistance to peanut root-knot nematode in soybean[J]. 1997a, 95: 664—670.
 - 16 Tamubnis J. P., B. M. Luzzi, R. S. Hussey et al. DNA markers associated with Javanese root-knot resistance in soybean[J]. Crop Sci. 1997b, 37: 783—788.
 - 17 Tamubnis J. P., B. M. Luzzi, R. S. Hussey et al. RFLP mapping of resistance to southern root-knot nematode in soybean[J]. Crop Sci. 1997c, 37: 1903—1909.
 - 18 Rector B. G., J. N. All, W. A. Parrott et al. Identification of molecular markers linked to quantitative trait loci for soybean resistance to corn earworm[J]. Theor. Appl. Genet. 1998, 96: 786—790.
 - 19 Rector B. G., J. N. All, W. A. Parrott et al. Quantitative trait loci for antixenosis resistance to corn earworm in soybean[J]. Crop Sci. 1999, 39: 531—538.
 - 20 Rector B. G., J. N. All, W. A. Parrott et al. Quantitative trait loci for antibiosis resistance to corn earworm in soybean[J]. Crop Sci. 2000, 40: 233—238.
 - 21 Teery L. I., K. Chase, T. Jarvik et al. Soybean quantitative trait loci for resistance to insects[J]. Crop Sci. 2000, 40: 375—382.
 - 22 D. Wang P. R. Arelli, R. C. Shoemaker et al. Loci underlying resistance to Race 3 of soybean cyst nematode in *Glycine soja* plant introduction 468916[J]. Theor. Appl. Genet. 2001, 103: 561—566.
 - 23 I. Schuster, R. V. Abdelnoor, S. R. R. Manin et al. Identification of a new major QTL associated with resistance to soybean cyst nematode (*Heterodera glycines*) [J]. Theor. Appl. Genet. 2001, 102: 91—96.
 - 24 Qiu, B. X., P. R. Arelli, D. A. Sleper. RFLP markers associated with soybean cyst nematode resistance and seed composition in a 'Peking' x 'Essex' population[J]. Theor. Appl. Genet. 1999, 98: 356—364.
 - 25 Iqbal, M. J., K. Meksem, V. N. Njiti et al. Microsatellite markers identify three additional quantitative trait loci for resistance to soybean sudden death syndrome (SDS) in Essex x Forrest RILs[J]. Theor. Appl. Genet. 2001, 102: 187—192.
 - 26 Njiti K., Meksem M. J., Iqbal J. E. et al. Common loci underlie field resistance to soybean sudden death syndrome in Forrest Pyramid Essex and Douglas[J]. Theor. Appl. Genet. 2002, 104: 294—300.
 - 27 Lewers K. S., E. H. Crane, C. R. Bronson et al. Detection of linked QTL for soybean brown stem rot resistance in 'BSR 101' as expressed in a growth chamber environment[J]. Mol. Breed. 1999, 5: 33—42.
 - 28 Kim, H. S., B. W. Diers. Inheritance of partial resistance to sclerotinia stem rot in soybean[J]. Crop Sci. 2000, 40: 55—61.
 - 29 Mian, M. A. R., M. A. Bailey, D. A. Ashley, et al. Molecular markers associated with water use efficiency and leaf ash in soybean [J]. Crop Sci. 1996b, 36: 1252—1257.
 - 30 Mian, M. A. R., D. A. Ashley, H. R. Boerma. Additional QTL for water use efficiency in soybean[J]. Crop Sci. 1998a, 38: 390—393.
 - 31 Mian, M. A. R., R. Wells, T. E. Carter, et al. RFLP tagging of QTLs conditioning specific leaf weight and leaf size in soybean[J]. Crop Sci. 1998b, 96: 354—360.
 - 32 Mian, M. A. R., D. A. Ashley, W. K. Vencill. QTLs conditioning early growth in a soybean population segregating for growth habit [J]. Theor. Appl. Genet. 1998c, 97: 1210—1216.
 - 33 Specht J. E., K. Chase, M. Macrander, et al. Soybean response to water: A QTL analysis of drought tolerance[J]. Crop Sci. 2001, 41: 493—509.
 - 34 Bianchi-Hall, C. M., T. E. Carter, Jr., M. A. Bailey, et al. Aluminum tolerance associated with quantitative trait loci derived from soybean PI416937[J]. Crop Sci. 2000, 15: 313—315.
 - 35 Van Taio, T. T., S. K. St. Martin, K. Chase et al. Identification of a QTL associated with tolerance of soybean soil waterlogging[J]. Crop Sci. 2001, 41: 1247—1252.
 - 36 Staub, J. E., F. C. Serquen, M. Gupta. Genetic markers, map construction, and their application in plant breeding[J]. Hort. Science 1996, 31: 729—740.
 - 37 Mohan, M., S. Nair, A. Bhagwat et al. Genome mapping, molecular markers and markers assisted selection in crop plants[J]. Molecular Breeding 1997, 3: 87—103.
 - 38 Tanksley, S. D., J. C. Nelson. Advanced backcross QTL analysis: A method for simultaneous discovery and transfer of value QTLs from unadapted germplasm into elite breeding lines[J]. Theor. Appl. Genet. 1996, 92: 191—203.
 - 39 Gizlice Z., T. E. Carter Jr., T. M. Gerig et al. Genetic diversity in North American public soybean cultivars based on coefficient of parentage[J]. Crop Sci. 1996, 36: 753—765.
 - 40 Sneller, C. H. Pedegree analysis of elite soybean lines. Crop Sci. 1994, 34: 1515—1522.
 - 41 Thompson, J. A., R. L. Nelson. Utilization of diverse germplasm for soybean yield improvement[J]. Crop Sci. 1998, 38: 1362—1368.
 - 42 Hospital, F., A. Charcosset. Marker-assisted introgression of quantitative trait loci[J]. Genetics 1997, 147: 1469—1485.
 - 43 Visscher, P. M., C. S. Haley, R. Thompson. Marker-assisted introgression in backcross breeding programs[J]. Genetics. 1996, 144: 1923—1932.
 - 44 Sloane, R. J., R. P. Patterson, T. E. Carter, Jr. Field drought tolerance of a soybean plant introduction[J]. Crop Sci. 1990, 30: 118—123.
 - 45 蒙忻, 刘守义, 方宣钧. 利用大豆分子连锁图定位大豆孢囊线虫 4 号生理小种抗性 QTL[J]. 分子植物育种. 2003, 1(1): 6—21.

A REVIEW OF QTL RESEARCH IN SOYBEAN

Zhang Zhongchen Zhan Xiuling Chen Qingshan Teng Weili Yang Qingkai
Li Wenbin Liu Yingxue Guo Qiang Zhang Lina

(Soybean Research Institute of Northeast Agricultural University, Harbin 150030)

Abstract QTL mapping is to identify the location of genes that control the quantitative traits in genome based on the linkage map, the linking relation of molecular markers and the QTL, as well as the molecular tagging technologies. The current literatures of QTL mapping for soybean agronomic traits, physiological traits, pest-resistance traits, and marker assisted breeding and so on were reviewed in this paper.

Key words Soybean; Quantitative Trait Loci(QTL); Molecular marker; Gene mapping; Molecular Assisted Selection(MAS)

欢迎订阅 2005 年《大豆通报》

《大豆通报》是由国家大豆工程技术研究中心, 中国作物学会大豆专业委员会与全国大豆科技推广协调指导小组联合主办, 为国内外公开发行的综合性期刊。刊登内容主要有科研开发, 生产规划、建议和意见, 研究成果报告和阶段性试验, 实验简报, 种植业与加工业中成熟技术、实用技术和高新技术, 国内外科技动态与学术活动, 科技信息、知识资料和经贸市场, 社团公司、科研院所、大专院校、工厂企业简介。为了满足多层次读者的信息需求, 本刊增设了加工实用技术、科技动态、市场信息等栏目。

本刊为双月刊, 逢单月 25 日出刊。; 国内邮发代号 14—228, 国内发行代号 BM 4836。每册定价 5.00 元, 邮局订阅全年 6 期, 计 30.00 元; 编辑部邮发全年 6 期计 35.40 元(含邮寄费)。如错过订期, 可与本刊编辑部联系订阅。

地址: 哈尔滨市道外区南通大街 23 号 邮编: 150050

传真: 0451—82553658 电话: 0451—82553178 Email: soytb@163.com

《黑龙江农业科学》2005 年征订启事

《黑龙江农业科学》是黑龙江省农业科学院主办的综合性学术期刊, 是全国优秀期刊、黑龙江省优秀期刊、“中国期刊方阵”期刊、《中国核心期刊(遴选)数据库》收录期刊。主要报道作物育种、耕作栽培、植物保护、土壤肥料、果树蔬菜、植物生理、农业气象等方面以黑龙江省为主, 其它省区为辅的最新农业科研成果、科学技术、发展趋势以及新产品、新品种等等。设有科研报告、实用技术、调查总结、专题综述、品种选育、国内外科技动态、科技简讯、农业信息等栏目以及各类广告业务宣传。本刊发行面广, 读者群大: 农业科研工作者、农业院校师生、国营农场及各农业技术推广部门的科技人员、管理干部和广大农民群众等。

本刊为国际大十六开本, 彩色四封, 52 页, 双月刊, 刊号: ISSN1002—2767, CN23—1204/S, 邮发代号 14—61, 单月 10 日出版, 每期定价 5.00 元, 全年 30.00 元。全国各地邮局(所)均可订阅。漏订者可汇款至本刊编辑部补订(不另收邮费)。

地址: 哈尔滨市南岗区学府路 368 号《黑龙江农业科学》编辑部

电话: 0451—86668373 E-mail: nyk13579@sina.com

邮编: 150086