

# 矮秆大豆株高遗传及主茎节间长度相关分析

闫昊,刘宝泉,王博

(吉林省农业科学院大豆研究中心,吉林 长春 130124)

**摘要:**通过吉密豆 1 号与吉林 35、长农 13 分别杂交,利用双亲及杂交后代  $F_1$ 、 $F_2$  和  $F_3$  的株高数据研究了吉密豆 1 号的矮生遗传特性。结果表明: $F_2$  代株高的频率分布图可明显观察出 3 个峰值,且根据  $\chi^2$  测验, $F_2$  代株高分离表现符合 1(矮秆):2(半矮秆):1(高秆)的分离比率; $F_3$  代则有一部分株行表现出单基因控制的正态分布现象,部分株行表现出同  $F_2$  代相似的 1:2:1 分离比率。说明控制吉密豆 1 号株高性状的为一对主效非完全显性基因和多个辅助数量基因,两者协同作用。另外根据株高指数概念,对两个组合  $F_3$  代主茎节间长度数据进行分析,探讨矮秆大豆合理株型的相关因子,认为进一步提高  $I_L$  值,可使其株型更加合理。

**关键词:**大豆;矮秆;株高;株型;遗传机制

**中图分类号:**S565.1      **文献标识码:**A      **文章编号:**1000-9841(2009)04-0595-05

## Inheritance of Plant Height and Its Correlation with Internode Length in Dwarf Soybean

YAN Hao, LIU Bao-quan, WANG Bo

(Soybean Centre, Jinlin Academy of Agricultural Sciences, Changchun 130124, Jilin, China)

**Abstract:** The dwarfism genetic characteristics of Jimidou 1 was studied with the plant height data of the parents and the  $F_1$ ,  $F_2$  and  $F_3$  hybrids between the cross combination of Jimindou 1  $\times$  Jilin 35 and Jimindou 1  $\times$  Changnong 13. Results showed that the frequency of plant height in  $F_2$  hybrids have 3 obvious peak values, and the separation ratio accorded with 1 (dwarf):2 (semi-dwarf):1 (high stalk) on the basis of Chi square tests. Plant height in some plant-to-row of  $F_3$  hybrids showed monogenic controlled normal distribution phenomenon, while others showed similar trend with  $F_2$  hybrids, which suggested that the dwarfism of Jimidou 1 was controlled cooperatively by a main-effect non-completely dominant gene and several helper quantitative trait genes. In addition, the correlation factor of reasonable plant typed dwarf soybean was analyzed according to the concept of plant height index and the internode length data of  $F_3$  hybrids, which indicated that the higher  $I_L$  value could lead to more reasonable plant type.

**Key words:** Soybean; Dwarf; Plant height; Plant type; Genetic characteristics

株高是构成大豆株型的重要性状之一,对产量有重要影响。对大豆株高遗传规律的研究有助于了解其产量形成机制并指导育种中的株型选择。美国在 1977 年育成第一个矮秆大豆品种“Elf”,1979 年和 1980 年分别选育出两个半矮秆品种“Caome”和“Pixie”,1996 年培育出矮秆品种“Spirit”和“Hobbit”,这些矮秆品种同密植技术及大型机械的结合,在当时美国创造了许多高产记录。我国 20 世纪 80 年代在黑龙江省大豆产区也进行过大豆窄行密植高产的试验,90 年代引进了半矮秆窄行密植栽培模式,对促进大豆高产成效显著。大豆株高是多基因

控制的数量性状,曾以传统的统计分析方法对它的遗传规律进行了大量研究<sup>[1-5]</sup>。何平等<sup>[6]</sup>认为控制大豆品种“干枝密”矮生性的是两对隐性主效基因及若干修饰基因的共同作用;陈恒鹤<sup>[7]</sup>指出大豆品种“矮源堙”的矮秆性状表现是受一对隐性主效基因和若干修饰基因所控制的;Kilen 等<sup>[8-9]</sup>研究表明大豆短节间矮秆品种“PI<sub>227224</sub>”是由单个隐性基因控制,而 Boerma 等<sup>[10]</sup>则认为“PI<sub>227224</sub>”是由两对隐性基因所控制。

现代分子标记技术的发展也大大促进了关于大豆株高性状的遗传研究。通过构建分子遗传连锁图

收稿日期:2009-02-19

基金项目:科技部科技支撑资助项目(2006BAD521B01-2-6)。

作者简介:闫昊(1980-),男,硕士,研究实习员,研究方向为大豆遗传育种。E-mail:yanhao@cjaas.com。

通讯作者:刘宝泉,研究员。E-mail:liubq2004@yahoo.com.cn。

谱,现已经有 73 个株高 QTL 明确报道<sup>[11-19]</sup>。目前,我国的大豆矮秆品种资源匮乏,为推动大豆矮化育种,有必要对矮秆品系的矮生性遗传机理进行研究。通过对矮秆品种吉密豆 1 号与当地常规品种吉林 35 和长农 13 的杂交后得到的 F<sub>1</sub>、F<sub>2</sub> 和 F<sub>3</sub> 株高数据进行分析,研究其矮秆性状的遗传模式。并根据株高指数的概念,分析各节间长度对株型的影响,试图为大豆矮秆株型育种提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 材料

采用矮秆大豆品种吉密豆 1 号与当地常规品种吉林 35 和长农 13 为材料。吉密豆 1 号是由吉林省农业科学院大豆研究中心于 1997 年利用美国矮秆大豆品种 Sprite × 吉育 43 的 F<sub>1</sub> 为母本,美国品种 Hobbit 为父本,通过有性杂交筛选得到的品系,株高 40 cm 左右。吉林 35 和长农 13 分别由吉林省农业科学院和长春市农业科学院育成,株高 80 ~ 100 cm 左右。

1.2 方法

试验于 2004 ~ 2007 年吉林省农业科学院大豆试验田进行。用矮秆大豆吉密豆 1 号分别与吉林 35 和长农 13 进行杂交并获得杂交种,吉密豆 1 号 × 吉林 35 杂交组合代号为 04107,吉密豆 1 号 × 长农 13 杂交组合代号为 04108。2005 年 7 月种植两组合 F<sub>1</sub> 代杂交种及其亲本。2006 年种植两组合 F<sub>1</sub>、F<sub>2</sub> 代及其亲本。随机区组设计,3 次重复,行长 4.5 m,行距 70 cm,穴距 15 cm,双粒点播。2007 年,将在两个组合 F<sub>2</sub> 中各选取的 20 个单株进行 F<sub>3</sub> 代株行种植,每个株行设计群体为 70 株,种植方式同 2006 年。成熟时取单株主

茎,风干后测定株高、节数、第一节间长度、第二节间长度、第三节间长度、第四节间长度、第五节间长度(指从根部起的各节长度)。参照魏燮中等<sup>[20]</sup>的方法计算株高指数。株高构成指数(I)为任一节间长度与该节间加其下一节间长度之和的比值:

$$I_L = (L_1 + L_2) / L$$
$$I_N = L_N / (L_N + L_{(N+1)})$$

其中 L 为株高;N 为自上而下节位;L<sub>N</sub> 为第 N 节间长度。I 值是相邻两节间的相对比值,若相邻两节长度相等,I = 0.5;上一节短于下一节则 I < 0.5;上一节长于下一节则 I > 0.5。

1.3 数据统计与分析

数据采用 SPSS 13.0 统计软件进行分析,应用 Origin 7.5 软件制作株高频率曲线图。杂交后代群体株高以 5 cm 为步长,计算株高的频率分布;根据频率分布曲线中峰值的个数估算表现类型的数目(如矮秆、半矮秆、高秆)。依据双亲和 F<sub>1</sub>、F<sub>2</sub> 株高分离的比率做 χ<sup>2</sup> 测验,确定矮秆基因对数。另外,参考魏燮中和吴兆苏<sup>[20]</sup>提出的株高指数 I 的概念,分析各节间长度对大豆最佳株型的影响。

2 结果与分析

2.1 杂交 F<sub>1</sub> 代的株高表现

从表 1 可以看出,组合 04107(吉密豆 1 号 × 吉林 35)和 04108(吉密豆 1 号 × 长农 13)的 F<sub>1</sub> 代株高均在双亲均值与高亲值之间,且倾向与双亲均值,两个组合显性度均为负值,说明矮秆性状表现为部分隐性遗传。从 F<sub>1</sub> 的整齐度来看,04107 组合的杂种 F<sub>1</sub> 株高较整齐,平均变异系数为 7.35%。

表 1 两个杂交组合亲本及其杂种 F<sub>1</sub> 代的株高

Table 1 Plant height of parents and their F<sub>1</sub> hybrids in the two crossing combination/cm

杂交组合 Cross	亲本 Parents		杂种 F <sub>1</sub> 代 F <sub>1</sub> generation			双亲均值	显性度
	P <sub>1</sub>	P <sub>2</sub>	平均	标准差	变异系数	Mean of parents	Degree of dominance
	$\overline{X_1}$	$\overline{X_2}$	$\overline{X}$	Mean	CV/%	MP = $(\overline{X_1} + \overline{X_2})/2$	$2(\overline{X} - MP)/(\overline{X_1} - \overline{X_2})$
04107	40.83333	89.5	71.66667	5.2705	7.354	65.166665	-0.267123
04108	40	103	74	8.4063	11.36	71.5	-0.079365

表 2 两个杂交组合的杂交 F<sub>2</sub> 代株高

Table 2 Plant height of F<sub>2</sub> hybrids in the two combinations/cm

杂交组合 Cross	株高 Plant height			株高分离情况				测验比 Rate	$\chi^2_{0.01}$	$\chi^2_{0.05}$
				Separation conditions of plant height						
	F <sub>1</sub>	F <sub>2</sub>	F <sub>3</sub>	矮 Dwarf	半矮 Semi-Dwarf	高 Tall	总计 Total			
04107	71.6	59.0	65.2	37	75	28	140	1:2:1	9.2	6.0
04108	74.0	66.8	69.3	40	77	25	134	1:2:1	9.2	6.0

2.2 杂交 F<sub>2</sub>代的株高表现

从图 1 可以看出组合 04107(吉密豆 1 号 × 吉林 35)F<sub>2</sub>代株高分布明显呈现出 3 个峰,即矮秆,半矮秆和高秆 3 种株高类型,占比率最高的为株高 58 cm 左右。并且 F<sub>2</sub>的株高分离比例,经  $\chi^2$  测验,其  $\chi^2$  的值为 1.871,达到显著水平,符合 1(矮秆):2(半矮秆):1(高秆)的分离比率,表明吉密豆 1 号株高性状是由一对非完全显性基因控制的。

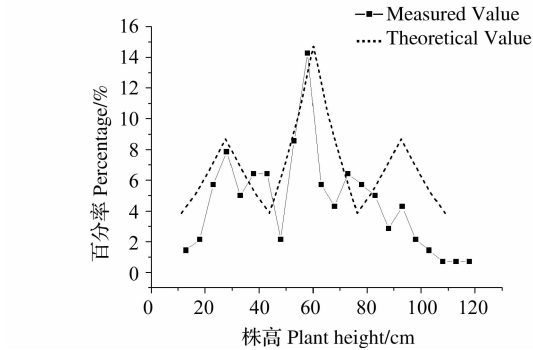


图 1 04107 组合 F<sub>2</sub>株高分布  
Fig. 1 F<sub>2</sub> hybrids plant height distributed diagram of 04107 cross combination

从图 2 可以看出,04108 组合 F<sub>2</sub>株高也呈现 3 个峰值的情况,其中第 1 个峰值是由于群体数量不足,导致出现偏离拟合曲线的情况。经  $\chi^2$  测验,其  $\chi^2$  的值为 4.91,同样符合 1(矮秆):2(半矮秆):1

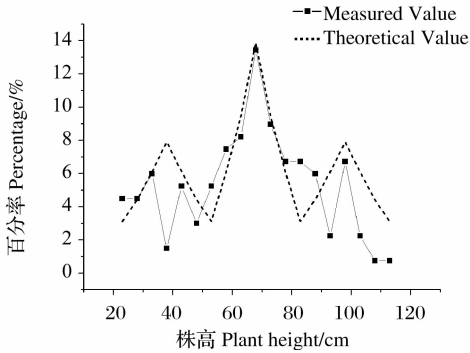


图 2 04108 组合 F<sub>2</sub>株高分布  
Fig. 2 F<sub>2</sub> hybrids plant height distributed diagram of 04108 cross combination

(高秆)的分离比率。

2.3 杂交 F<sub>3</sub>代的株高表现

由于出苗、收获实际条件限制,每个组合最终得到的 F<sub>3</sub> 株行(群体数大于 50 株)个数均少于 20, 04107 组合得到株行 11 个,04108 组合得到株行 10 个。

04107 组合中的 3、6、7 号株行株高分布频率表现,以 LYH( Last Year Height)表示 F<sub>3</sub>代株行其对应 F<sub>2</sub>代的单株株高,见图 3a,该组合中 4、10、1 号株高分布频率同它们类似;同样对应 04108 组合中的 1、6、7 号株行株高分布频率表现见图 3b,该组合中 8、9、1 号则同它们相类似。

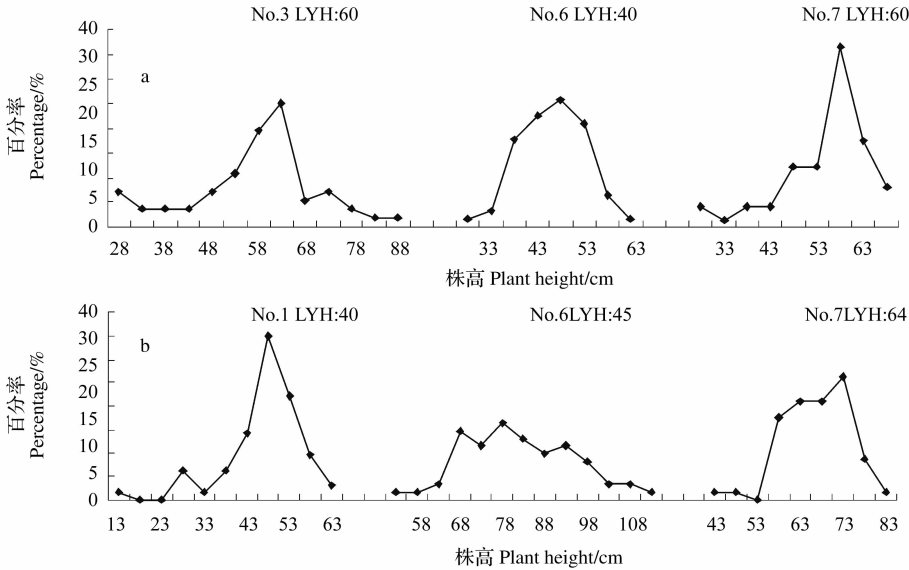


图 3 类似纯合基因型 F<sub>3</sub>株行株高频率分布(a 04107,b 04108)

Fig. 3 Plant height frequency distribution of F<sub>3</sub> hybrids' plant-to-row of analogously homozygous genotype( a 04107 ,b 04108)

从图 3 可以看出,这些株行的株高频率均表现出单峰曲线的正态分布,且在群体中株高表现占比率最高的数值(即峰值)同其对应的 F<sub>2</sub>代株高相近似,其株高频率分布表现出类似纯合基因型的模式。

而 04107 组合 5、8、11 号株行的株高分布频率表现分列如下,见图 4a,该组合内 2、9 号数据同它们类似;对应在 04108 组合 2、3、5 号株行的株高分布频率见图 4b,该组合中 10 号测得结果同它们类似:

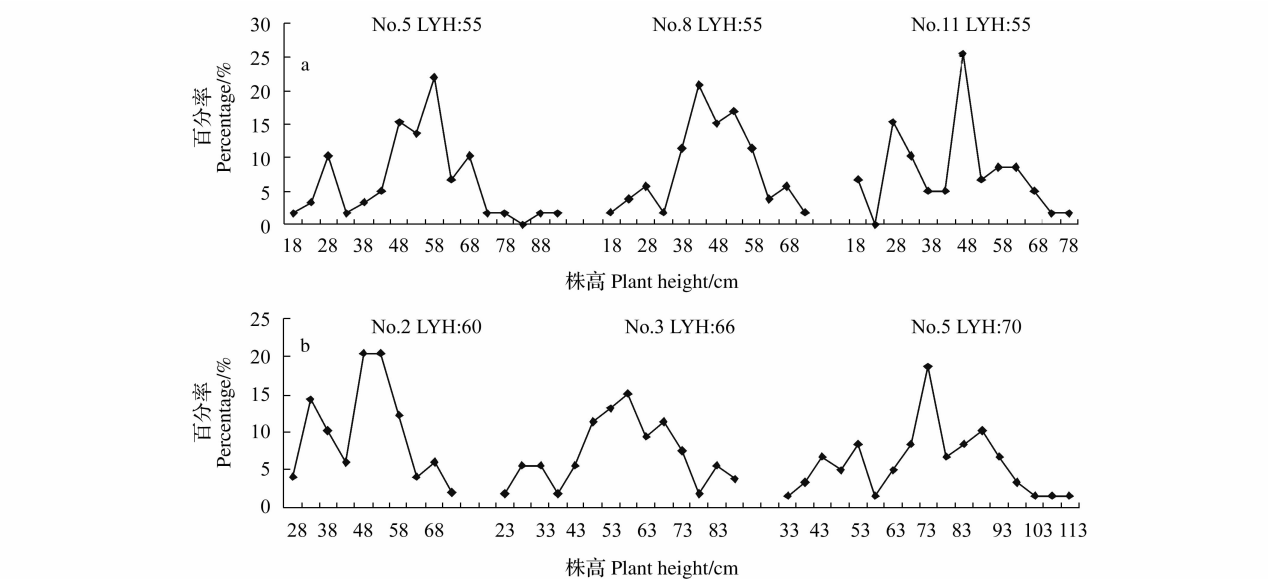


图 4 类似杂合基因型 F<sub>3</sub> 株行株高频率分布 (a 04107, b 04108)

Fig. 4 Plant height frequency distribution of F<sub>3</sub> hybrids' plant-to-row of analogously heterozygous genotype (a 04107, b 04108)

这些株行的株高频率分布则表现出 3 个峰值的曲线,且其中第 2 个峰值所占比例最大,表现出同在 F<sub>2</sub> 代分析中相似的 1 (矮秆):2 (半矮秆):1 (高秆) 的分离现象。同样其群体中株高表现占比率最高的数值(峰值)同其对应 F<sub>2</sub> 代株高相近似。

其株高频率分布表现出类似混合基因型的模式。

2.4 株高指数相关分析

对两个杂交组合 F<sub>3</sub> 代节数和节间长度数据进行分析,探索指导大豆理想株型的有效方法。

表 3 两杂交组合 F<sub>3</sub> 代株高及节间长度

品种 Variety	平均株高 Plant height/cm	主茎节数 Node No. of main stem	节间长度 Internode length/cm				
			L <sub>1</sub>	L <sub>2</sub>	L <sub>3</sub>	L <sub>4</sub>	L <sub>5</sub>
04107	65. 2193	12. 72368	4. 667544	4. 13114	3. 619298	3. 109649	2. 9
04108	69. 26563	14. 63542	4. 565625	4. 088542	3. 5375	3. 065104	2. 744792

表 4 两杂交组合 F<sub>3</sub> 的株高指数

Table 4 Plant height exponent of F <sub>3</sub> hybrids in the two cross combinations					
	I <sub>L</sub>	I <sub>1</sub>	I <sub>2</sub>	I <sub>3</sub>	I <sub>4</sub>
04107	0. 13491	0. 530482	0. 53302	0. 53787	0. 517443
04108	0. 12494	0. 527564	0. 536129	0. 535773	0. 527566

通过表 4 可以看到组合 04107 比 04108 的 I<sub>L</sub> 值高,说明第一、二节间长度占全株比例较大,冠层结果好,对通风透光有利。而 I<sub>1</sub> 值也是 04107 > 04108,说明其第二节间迅速缩短,对降低株高最有利。I<sub>2</sub> 值则是 04107 < 04108, I<sub>2</sub> 值大,说明第二节间相对较长,对株高增加贡献较大。I<sub>3</sub> 值 04017 > 04108, I<sub>3</sub> 值小,说明第四节间相对较长,不利于主茎挺立,促进倒伏发生。I<sub>4</sub> 值 04107 < 04108, I<sub>4</sub> 值大,说明第五节间相对较短。以上分析表明,04107 组合在株型育种比 04108 组合上更具有优势,其株高有所降低,而且相对提高了 I<sub>3</sub> 值,即第四节间相对大为缩短,增强了抗倒伏能力。

### 3 结论与讨论

#### 3.1 株高遗传

通过两个杂交组合 04107 和 04108 的父母本、 $F_1$ 、 $F_2$ 代株高调查,两个组合的  $F_2$ 代株高分离均符合 1:2:1 的分离比率,初步判定吉密豆 1 号的高秆性状为一对非完全显性基因控制。而对两个组合  $F_3$ 代株行的株高分布频率分析得出:虽然其群体较小,但没有任何一株行表现出株高完全都比较高或者完全都比较矮的情况,说明控制其矮秆性状的还有其它因素,表现出数量基因控制的正态分布现象;同时也发现在其中一些株行中仍能找到一对基因控制的痕迹。所以认为控制吉密豆 1 号株高性状的的是一个主效非完全显性基因和多个辅助数量基因共同作用的结果。

不同高秆亲本的组合间其后代群体株高差异比较大,以具体的株高数值来定性规定株高划分区间误差很大。而这一试验应用步长分布来判定株高划分区间,使试验数据更直观的表现出分布规律。根据分析结果得出控制吉密豆 1 号株高性状的是一对主效非完全显性基因和多个辅助数量基因共同作用的结果。陈恒鹤<sup>[4]</sup>曾指出,大豆高矮秆杂交后代符合一或两对基因控制的分离比例,但大多数杂交高世代都呈现多基因控制的连续分布。而该结果同样证实了高世代的株高按照其基因型的差异,并非完全都呈现连续分布。

#### 3.2 节间长度分析及合理株型探讨

高  $L_1$ 值可以认为是抗倒伏性状的一个数值指标,但合理株型的选育还应包括大豆茎秆的组织结构选择和叶片、分枝收敛程度等各项性状的综合分析。在今后的矮秆育种中的  $L_1$ 值还有待于提高,使其株高的构成更为合理。进一步提高  $L_1$ 和  $L_3$ 的值,即缩短第二和第四节间长度,则能培育出针对于矮秆大豆使其株型构成更为优化的品系。在降低株高的前提下,达到提高其抗倒伏性和丰产性的目标。

矮化能提高抗倒伏性和收获指数,但也会带来一些不利的影响。因此在选育中必须注意与提高光合效能相关的合理株型筛选。该研究的数据是在杂交组合  $F_3$ 代测得,对生产试验中表现好的多个栽培品种进行数据统计,可以分析高产品种的最佳 I 值。株高构成指数只反应了茎秆及各节间长度的关系。而抗倒伏性显然还与茎组织及其韧性有关。因此培

育新一代大豆矮秆品种,除注意其株高构成指数外,还要综合考虑茎秆弹性及强度、叶片狭长上举、分枝收敛等各项指标。

#### 参考文献

- [1] 曹永强,谢甫缙,张惠君,等. 大豆不同亲本正交和反交后代株高遗传规律的比较研究[J]. 辽宁农业科学,2006(4):13-15. (Cao Y C, Xie F T, Zhang H J, et al. Study on heredity of plant height between crosses and reciprocal crosses in different soybean parents[J]. Liaoning Agricultural Sciences, 2006(4):13-15.)
- [2] 陈恒鹤. 大豆杂种二代的遗传变异及其与亲子女代关系的研究第Ⅱ报 株形性状(株高、主茎节数和分枝数)[J]. 大豆科学, 1987,6(4):283-290. (Cheng H H. Studies on  $F_2$ 's hereditary variability and its relationship between parent and progeny in soybeans Ⅱ. Plant architectural characters (plant height, No. of nodes per main stem and No. of branches) [J]. Soybean Science, 1987, 6(4):283-290.)
- [3] 王连铮,王金陵. 大豆遗传育种学[M]. 北京:科学技术出版社,1992. (Wang L Z, Wang J L. Genetics and breeding science of soybean[M]. Beijing: Science & Technology Press, 1992.)
- [4] 陈恒鹤. 大豆主要数量性状遗传规律的双列杂交分析[J]. 大豆科学, 1982,1:41-51. (Cheng H H. Daillel analysis of inheritable roles of main quantitative characters in soybeans[J]. Soybean Science, 1982,1:41-51.)
- [5] 杨琪,王金陵. 不同类型大豆双列杂交遗传参数分析[J]. 中国农业科学,1995,28:76-80. (Yang Q, Wang J L. The analysis of genetic parameter for different types of soybean by diallel crosses [J]. Scientia Agricultura Sinica[J]. 1995,28:76-80.)
- [6] 何平,刘宗昭,王丕武,等. 大豆不同矮秆基因的遗传研究[J]. 吉林农业大学学报,1990,12(4):1-5. (He P, Liu Z Z, Wang P W, et al. Genetic study on different dwarf gene of soybean[J]. Journal of Jilin Agricultural University, 1990,12(4):1-5.)
- [7] 陈恒鹤. 大豆矮秆基因及其育种改良效果的研究[J]. 作物学报,1985,11(2):95-102. (Cheng H H. Inheritance and modified effects of brachytic genes in soybeans[J]. Acta Agronomica Sinica, 1985,11(2):95-102.)
- [8] Kilen T C, Hartwig E E. Short internode character in soybean and its inheritance[J]. Crop Science, 1975,15:878-879.
- [9] Kilen T C. Inheritance of a brachytic character in soybeans[J]. Crop Science, 1977,17:853-854.
- [10] Boerma H R. Inheritance of a second gene for brachytic stem in soybean[J]. Crop Science, 1978,18(4):559-560.
- [11] Mansur L M, Orf J H, Chase K, et al. Genetic mapping of agronomic traits using recombinant inbred lines of soybean[J]. Crop Science, 1996,36(5):1327-1336.
- [12] Mansur L M, Orf J H, Lark K G. Determining the linkage of quantitative trait loci to RFLP Markers using extreme phenotypes of recombinant inbreds of soybean (*Glycine max* L. Merr.) [J]. Theoretical and Applied Genetics, 1993c,86:914-918.

[ 9 ] Fujii H, Chiou T J, Lin S I, et al. A miRNA Involved in phosphate-starvation response in arabidopsis[ J ]. Current Biology, 2005, 15: 2038-2043.

[ 10 ] Senthil S, Yan F, Ramanjulu S, et al. Novel and nodulation-regulated microRNAs in soybean roots[ J ]. BMC Genomics, 2008, 9: 160 doi: 10. 1186/1471-2174-9/160.

[ 11 ] Zhang B H, Pan X P, Edmund J S, et al. Identifcation of soybean microRNAs and their targets[ J ]. Planta, 2008, DOI 10. 1007/s00425-008-0818-x.

[ 12 ] Chen C, Ridzon D A, Broomer A J. Real-time quantification of microRNAs by stem-loop RT-PCR[ J ]. Nucleic Acids Research, 2005, 33: e179.

[ 13 ] Raymond C K, Roberts B S. Simple, quantitative primer-extension PCR assay for direct monitoring of microRNAs and short-interfering RNAs[ J ]. RNA, 2005, 11: 1737-1741.

[ 14 ] Shi R, Chiang V L. Facile means for quantifying microRNA expression by real-time PCR[ J ]. Biotechniques, 2005, 39: 519-525.

(上接第 587 页)

[ 31 ] Panthee D R, Kwanyuen P, Sams C E, et al. Quantitative trait loci for  $\beta$ -conglycinin (7S) and glycinin (11S) fractions of soybean storage protein[ J ]. Journal of the American Oil Chemists' Society, 2004, 81 (11): 1005-1012.

[ 32 ] Teuku T, Satosh W, Naoki Y, et al. Analysis of quantitative trait loci for protein and lipid contents in soybean seeds using recombinant inbred lines[ J ]. Breeding Science, 2003, 53 (2): 133-140.

[ 33 ] 葛诚, 徐玲攻, 樊蕙, 等. 快生型大豆根瘤菌的抗原分析[ J ]. 大豆科学, 1984, 3 (3): 237-242. ( Ge C, Xu L M, Fan H. Analysis of antigens for fast growing *R. japonicum* [ J ]. Soybean Science,

(上接第 599 页)

[ 13 ] Mansur L M, Lark K G, Kross H, et al. Interval mapping of quantitative trait loci for reproductive morphological and seed traits of soybean (*Glycine max* L. Mer.) [ J ]. Theoretical and Applied Genetics, 1993b, 86: 907-913.

[ 14 ] Lark M L. Interactions between quantitative trait loci in soybean in which trait variation at one locus is conditional upon a specific allele at another[ J ]. Theoretical and Applied Genetics, 1995, 92: 4656-4660.

[ 15 ] Lee S H, Bailey M A, Mian M A R. Molecular markers associated with soybean plant height lodging and maturity across locations[ J ]. Crop Science, 1996, 36 (3): 728-735.

[ 16 ] Lee S H, Bailey M A, Mian M A R. Identification of quantitative trait loci for plant height, lodging and maturing in a soybean population segregation for growth habit[ J ]. Theoretical and Applied Genetics, 1996, 92: 516-523.

[ 17 ] Mian M A R. QTLs conditional early growth in a soybean popula-

[ 15 ] 张旗, 何湘君, 潘秀英. RNA 加尾和引物延伸 RT-PCR 法实时定量检测 microRNA[ J ]. 北京大学学报(医学版), 2007, 39 (1): 78-82. ( Zhang Q, He X J, Pan X Y. Real-time quantification of microRNAs by RNA-tailing and primer-extension RT-PCR [ J ]. Journal of Peking University ( Healthy Sciences ), 2007, 29 (1): 78-82. )

[ 16 ] 邹权, 郭茂祖, 张涛涛. RNA 二级结构预测方法综述[ J ]. 电子学报, 2008, 36 (2): 332-338. ( Zou Q, Guo M Z, Zhang T T. A review of RNA secondary structure prediction algorithms[ J ]. Acta Electronica Sinica, 2008, 36 (2): 332-338. )

[ 17 ] 张涛涛, 郭茂祖, 邹权. 参数序列比对算法研究[ J ]. 生物信息学, 2008, 6 (2): 74-77. ( Zhang T T, Guo M Z, Zou Q. Research of parametric sequence alignment algorithm[ J ]. China Journal of Bioinformatics, 2008, 6 (2): 74-77. )

[ 18 ] 郑晓飞. RNA 实验技术手册[ M ]. 北京: 科学出版社, 2004: 15-16. ( Zheng X F. RNA experimental technical manuals[ M ]. Beijing: Science Press, 2004: 15-16. )

1994, 13 (4): 331-335. )

[ 34 ] 葛诚, 李俊, 樊蕙等. 大豆三类共生体的生态学研究[ J ]. 大豆科学, 1994, 13 (4): 331-335. ( Ge C, Li J, Fan H. Studies on ecology of the three groups of soybean rhizobia[ J ]. Soybean Science, 1994, 13 (4): 331-335. )

[ 35 ] 樊蕙, 徐玲攻, 葛诚等. 大豆根瘤菌优良菌株与春大豆品种的亲合性研究[ J ]. 大豆科学, 1992, 11 (2): 139-145. ( Ge C, Xu L M, Fan H. Studies on compatibility between superior indigenous soybean Rhizobial strains and soybean cultivars[ J ]. Soybean Science, 1992, 11 (2): 139-145. )

tion segregation for growth habit[ J ]. Theoretical and Applied Genetics, 1998, 97 (8): 1210-1216.

[ 18 ] Orf J H. Genetic of soybean agronomic traits; I. comparison of three related recombinant inbred populations[ J ]. Crop Science, 1999, 39 (6): 1642-1651.

[ 19 ] Yuan J N. Quantitative trait loci in two soybean recombinant inbred line populations segregating for yield and disease resistance[ J ]. Crop Science, 2002, 42: 271-277.

[ 20 ] 魏燮中, 吴兆苏. 小麦植株高度的结构分析[ J ]. 南京农学院学报, 1983, 1: 14-21. ( Wei X Z, Wu Z S. Architectural analysis of plant height of common wheat (*Triticum aestivum* L.) [ J ]. Journal of Nanjing Agricultural University, 1983, 1: 14-21. )

[ 21 ] 刘兆晔, 于经川, 牟春生, 等. 小麦株高构成指数的研究[ J ]. 莱阳农学院学报, 2000, 17 (2): 120-123. ( Liu Z Y, Yu J C, Mu C S, et al. A study on the plant height component indexes of wheat [ J ]. Journal of Laiyang Agricultural College, 2000, 17 (2): 120-123. )