

大豆四向重组自交群体单株产量 QTL 单标记分析

宁海龙,李柏云,何月鹏,吴 昊,白雪莲,司敬博,庄 煦,李文霞

(东北农业大学 大豆生物学教育部重点实验室/农业部东北大豆生物学与遗传育种重点实验室,黑龙江 哈尔滨 150030)

摘 要:以(垦丰 14 × 垦丰 15) × (黑农 48 × 垦丰 19)衍生的含 160 个株系的大豆四向重组自交系群体为试验材料,应用 154 个 SSR 标记鉴定个体基因型,利用单标记分析方法,对 2013 和 2014 年在哈尔滨和克山两地 4 个环境下的单株产量进行 QTL 定位分析。结果显示:共检测到 46 个与单株产量相关的 QTL 位点,主要分布在 A1、A2、C1、C2、D2、D1b、L、K、B2、N、E、J、F、G 和 H 连锁群上,遗传率为 0.15% ~ 9.37%。遗传率较高的标记位点有 BARCSOYSSR_02_0607、BARCSOYSSR_03_1620、BARCSOYSSR_19-0451、Sat_153、Sat_367、Satt229 和 Satt529,优异等位基因型为 BARCSOYSSR_02_0607 (Q1Q1)、BARCSOYSSR_03_1620 (Q2Q2)、BARCSOYSSR_09_0183 (Q1Q1)、Satt229 (Q2Q2)、Sat_367 (Q3Q3)、Satt338 (Q1Q1)、Satt229 (Q1Q1) 和 Satt668 (Q1Q1)。在检测的标记位点中,BARCSOYSSR_08_0966、Sat_36、Sat_153、BARCSOYSSR_02_0607 和 Satt529 在两个环境中重复检测,表明这 5 个 QTL 可用于分子设计育种改良单株产量。

关键词:大豆;四向重组自交系群体;单株产量;优异等位基因型

中图分类号:S565.1 **文献标识码:**A **DOI:**10.11861/j.issn.1000-9841.2016.01.0160

Single Marker Analysis on QTL Conditioning Yield per Plant in Soybean by Four-way Recombinant Inbred Lines Population

NING Hai-long, LI Bai-yun, HE Yue-peng, WU Hao, BAI Xue-lian, SI Jing-bo, ZHUANG Xu, LI Wen-xia
(Key Laboratory of Soybean Biology, Ministry of Education, Key Laboratory of Soybean Biology and Breeding/Genetics, Ministry of Agriculture, Northeast Agricultural University, Harbin 150030, China)

Abstract: In this paper a four-way recombinant inbred lines (FW-RIL) population, which came from double cross (Kenfeng 14 × Kenfeng 15) × (Heinong 48 × Kenfeng 19) through continuous self-fertilizer 6 times and was composed of 160 lines, was used to map QTL conditioning yield per plant (YPP) based the genotypic data came from 154 SSR primers and phenotypic data of YPP came from 4 planting environments, i. e. Keshan in 2013, Harbin in 2013, the first sowing date of Harbin in 2014, the second sowing date of Harbin in 2014, by single marker analysis method. The results showed that 46 QTLs underlying YPP were detected significantly and the QTLs distributed on linkage group A1, A2, C1, C2, D2, D1b, L, K, B2, N, E, J, F, G and H with the range of heritability from 0.15% -9.37%. The QTLs showed higher heritability including BARCSOYSSR_02_0607, BARCSOYSSR_03_1620, BARCSOYSSR_19-0451, Sat_153, Sat_367, Satt229 and Satt529. The excellent allele genotypes that could increase YPP under its QTL include BARCSOYSSR_02_0607 (Q1Q1), BARCSOYSSR_03_1620 (Q2Q2), BARCSOYSSR_09_0183 (Q1Q1), Satt229 (Q2Q2), Sat_367 (Q3Q3), Satt338 (Q1Q1), Satt229 (Q1Q1) and Satt668 (Q1Q1). Among all detected QTLs, BARCSOYSSR_08_0966, Sat_36, Sat_153, BARCSOYSSR_02_0607 and Satt529 are mapped tautologically in two environments, which indicates these five QTLs could be utilized in molecular design breeding to improve YPP.

Keywords: Soybean; FW-RIL; Yield per plant; Favorable allele genotypes

单产的提高一直是大豆的主要育种目标。大豆单株产量是复杂的数量性状,由多基因位点控制,遗传复杂且易受环境条件以及环境和基因互作的影响^[1],而表型选择率低也限制了产量相关性状的遗传改良^[2],分子标记技术在育种中的应用使得大豆产量相关性状的遗传改良成为可能,但与产量性状紧密相关的 QTL 位点的发掘是其研究的前提。目前国内外学者通过对不同的杂交组合进行大豆单株产量 QTL 分析。通过 www.soybase.org 的统计,单株产量的 QTL 位点 10 个,其中 Chen 等^[3]检测到 7 个单株产量 QTL 位点,Vieira 等^[4]检测到 1 个单株产量 QTL,Liu 等^[5]检测到 2 个单株产量 QTL。在国内,刘春燕等^[6]检测到 12 个产量相关性状的 33 个 QTL 位点。姚丹等^[7]检测到 10 个单株产量 QTLs。以上研究中,进行基因定位的遗传群体主要来源于 2 个亲本杂交衍生的后代,连锁分析时

收稿日期:2015-03-20
基金项目:黑龙江省自然科学基金面上项目(C2015007);黑龙江省教育厅科学技术研究重点项目(12541A001);黑龙江省博士后科研启动基金(LBH-Q12152, LBH-Q09165)。
第一作者简介:宁海龙(1975-),男,教授,博导,主要从事作物遗传育种与数量遗传研究。E-mail:ninghailongneau@126.com。
通讯作者:李文霞(1974-),女,副教授,硕导,主要从事作物遗传育种研究。E-mail:wxlee2006@aliyun.com。

1 个位点只涉及 2 个等位基因。四向重组自交系群体(four-way recombinant inbred lines, FW-RIL) 是利用 4 个亲本双交后代进行连续多代的自交形成的遗传群体。在试验设计中,利用四向杂交设计增加统计推断空间,一方面可以增加具有多态性的标记数量,增加遗传图谱的密度,另一方面可以在一个基因位点分析 4 个复等位基因效应,有利于扩展控制目标性状的遗传基础。本研究应用前期研究^[8]中构建的大豆四向重组自交系群体,利用 SSR 标记鉴定个体的基因型,在 2 年 4 个种植环境下鉴定大豆单株产量,应用单标记分析方法,对大豆单株产量

进行 QTL 定位,为大豆产量等性状的分子标记辅助育种提供理论与技术依据。

1 材料与方法

1.1 遗传群体构建

2008 年分别以垦丰 14、垦丰 19、垦丰 15、黑农 48 为亲本配制杂交组合(4 个亲本的主要特征如表 1),获得垦丰 14 与垦丰 15 的 F₁代和垦丰 19 与黑农 48 的 F₁代;2009 年以两个 F₁代为亲本,配制四向杂交组合。采用单粒传法处理杂交后代,连续自交 6 代后获得包含 160 个株系的 FW-RIL 群体。

表 1 亲本的品种特征
Table 1 Varietal characteristic of parents

品种名 Cultivar	品种来源 Source	结荚习性 Growth habit	株高 Height	花色 Flower color	叶形 Leaf shape	茸毛 Paste color	荚色 Pod color	百粒重 100-seed weight
垦丰 14 Kenfeng 14	绥农 10 号×长农 5 号	无限	100	白	长	灰色	草黄色	21 ~ 22
垦丰 15 Kenfeng 15	绥农 14 × 垦交 9307	亚有限	85	紫	长	灰色	褐色	18
黑农 48 Heinong 48	哈 90-6719 × 绥 90-5888	亚有限	88	紫	长	灰色	浅褐色	22 ~ 25
垦丰 19 Kenfeng 19	合丰 25 × (垦丰 4 号 × 公 8861-0)	亚有限	65	白	长	棕色	棕色	18 ~ 19

1.2 田间试验与性状调查

2013 年分别在克山分院大豆试验田和哈尔滨香坊农场两地种植 FW-RIL 的 160 个株系;2014 年在哈尔滨香坊农场种植 160 个四向杂交群体后代株系,于 5 月 10 日和 5 月 20 日分 2 个播期种植,行长 5 m,株距 65 cm,株距 6 cm,田间管理同大田管理。成熟后选取每行中间长势均匀的 10 株,室内考种单株产量。

1.3 SSR 标记分析

1.3.1 大豆 DNA 的提取 于三叶期在田间采集各株系的叶片,应用 CTAB 法提取 DNA^[9]。

1.3.2 SSR 引物合成 参照 Cregan 等^[10]和 Song 等^[11]发表的大豆图谱选择 560 对 SSR 引物,根据 www. soybase. org 网站提供的大豆 SSR 序列合成引物。

1.3.3 引物扩增 PCR 扩增反应体系为总 DNA 30 ng、引物 1.5 μmol · L⁻¹、dNTP 2.5 μmol · L⁻¹、10 × buffer 1.5 μL、*Taq* 酶 1U,用超纯水补足 20 μL。

PCR 反应扩增条件为:(1)94℃ 预变性 10 min;(2)94℃ 变性 30 s,50℃ 复性 30 s,72℃ 延伸 30 s,38 次循环;(3)72℃ 延伸 5 min 后置于 4℃ 下保存。每个 PCR 反应体系加上 8 μL 甲酰胺双 Loading

Buffer,变性 10 min 后放入冰上冷却。PCR 产物在 6% 的聚丙烯酰胺标准测序胶上分离,在1 500 W 恒功率下电泳约 2 h。对电泳产物用 10% 酒精加 0.5% 乙酸固定凝胶 3 min,之后在 10% 酒精、0.5% 乙酸、0.2% AgNO₃ 中染色 10 min,清水漂 2 min 后在 3% NaOH 和 0.5% 甲醛混合液中显色 5 ~ 10 min。

1.3.4 数据记录 将与亲本垦丰 14 相同的带型记为“A”,与亲本垦丰 15 相同的带型记为“B”,与亲本垦丰 19 相同的带型记为“C”,与亲本黑农 48 相同的带型记为“D”,杂合的带型记为“E”,缺失和不清晰的带型记为“F”。

1.4 数据分析

1.4.1 表型数据变异分析 对单株产量数据按照包含环境和基因型效应的模型进行联合方差分析。应用各变异来源的均方估计相应的方差分量,估计遗传率。应用 SAS 9.2 软件进行数据分析。

1.4.2 单标记分析 在四向重组自交系群体中,控制某一性状的标记(QTL)的等位基因型有 4 种、3 种和 2 种。不失一般性,以含有 4 种等位基因型的位点为例说明。如果某一位点的 4 种等位基因型分别为 Q₁Q₁、Q₂Q₂、Q₃Q₃和 Q₄Q₄,则第 *i* 基因型第 *j* 个

体的表型值 y_{ij} 的模型为: $y_{ij} = \mu_i + \varepsilon_{ij} = m + a_i + \varepsilon_{ij}$, 其中 μ_i 是第 i 基因型的基因型值, ε_{ij} 是剩余效应, 服从正态分布, 即 $\varepsilon_{ij} \sim N(0, \sigma_i^2)$, 因此 y_{ij} 服从正态分布 $N(\mu_i, \sigma_i^2)$ 。 m 是总体均值, a_i 是第 i 个等位基因型的效应值, 具有约束条件 $\sum a_i = 0, i = 1, 2, 3, 4$ 。可应用极大似然法估计 m 和 a_i 。

可用 LOD 值检验 QTL 遗传效应的显著性。在本研究中, 以 LOD = 2.5 为临界值。全部算法通过 R 语言编写的函数实现。单标记方法将在另文中发表。

表 2 单株产量表型数据的描述分析

Table 2 Summarization analysis of yield per plant across 4 environments

环境 Environment	垦丰 14 Kenfeng 14	垦丰 15 Kenfeng 15	垦丰 19 Kenfeng 19	黑农 48 Heinng 48	FW-RIL			
					平均 Mean	方差 Variance	最小值 Minimum	最大值 Maximum
2013 HRB	16.00	13.47	10.25	12.58	16.10	22.62	7.27	29.86
2013 KS	18.80	20.14	14.32	21.66	19.30	17.13	6.85	34.62
2014 HRB1	9.00	15.30	15.00	23.10	21.15	48.74	7.45	47.02
2014 HRB2	24.30	25.20	19.40	28.40	24.42	54.27	8.61	51.74

2013 KS 为 2013 年克山种植环境; 2013 HRB 为 2013 年哈尔滨种植环境; 2014 HRB1 为 2014 年哈尔滨一播期种植环境; 2014 HRB2 为 2014 年哈尔滨二播期种植环境。

2013 KS indicates planting environment of Keshan in 2013; 2013 HRB indicates planting environment of Harbin in 2013; 2014 HRB1 indicates planting environment of first sowing date in Harbin in 2014; 2014 HRB2 indicates planting environment of second sowing date in Harbin in 2014.

表 3 4 个种植环境下单株产量的方差分析遗传率估计

Table 3 Analysis of variance and estimation of heritability of yield per plant in soybean across four planting environments

变异来源 Source	DF	SS	MS	F	Pr > F	方差分量 Variation component
环境间 Environment	3	5300.83	1766.94	59.69	<0.0001	11.91
基因型 Genotype	159	7840.97	49.31	1.67	<0.0001	5.40
误差 Error	421	12462.53	29.60			29.60
遗传率 Heritability						11.52

2.2 QTL 定位

本试验选用了 560 对引物在 4 个亲本之间进行多态性筛选, 其中 188 对引物在 4 个亲本之间表现出良好的多态性, 多态率达到 34%。利用 188 对 SSR 引物在 FW-RIL 的 160 个后代株系上进行 PCR 扩增。利用单标记分析法对每个位点进行检测(表 4)。共检测到 46 个与单株产量相关的 QTL 位点, 主要分布 A1、A2、C1、C2、D2、D1b、L、K、B2、N、E、J、F、G 和 H 连锁群上, 遗传率为 0.15% ~ 9.37%。遗传率较高的标记位点有 BARCSOYSSR_02_0607、BARCSOYSSR_03_1620、BARCSOYSSR_19-0451、Sat_153 Sat_367、Satt229 和 Satt529。优异等位基因型

2 结果与分析

2.1 表型数据分析

表 2 和表 3 给出了不同环境条件下 FW-RIL 单株产量的表型变异分析和显著性测验, 4 个环境下基因型和环境间方差分析差异均达到极显著水平, 并且不同环境下表型值有较大的变异范围, 说明大豆单株产量在群体中存在真实的遗传变异, 并且不同环境条件下存在基因表达的差异。可应用该群体不同环境的表型数据进行 QTL 定位。

为 BARCSOYSSR_02_0607 (Q1Q1)、BARCSOYSSR_03_1620 (Q2Q2)、BARCSOYSSR_09_0183 (Q1Q1)、Satt229 (Q2Q2)、Sat_367 (Q3Q3)、Satt338 (Q1Q1)、Satt229 (Q1Q1)、Satt668 (Q1Q1)。在检测的标记位点中, BARCSOYSSR_08_0966 在 2013 年克山和 2014 年哈尔滨一播期两个环境中重复检测, Sat_367 在 2013 年哈尔滨和 2014 年哈尔滨二播期两个环境中重复检测, Sat_153 在 2013 年克山和 2014 年哈尔滨一播期两个环境中重复检测, BARCSOYSSR_02_0607 在 2013 年克山和 2014 年哈尔滨一播期两个环境中重复检测, Satt529 在 2014 年哈尔滨一播期和 2014 年哈尔滨二播期两个环境中重复检测。

表 4 大豆单株产量的 QTL 定位

Table 4 Mapping QTL conditioning yield per plant in soybean

环境 Environment	标记 Marker	连锁群 LG	等位基因型 Allelic genotype	LOD	m	a_1	a_2	a_3	a_4	h^2
2014 HRB1	BARCSOYSSR_05_0513	A1	1232	2.73	20.79	1.72	0.81	-2.54	0	4.39
2014 HRB2	BARCSOYSSR_05_1017	A1	1134	2.57	24.06	-0.29	0	1.14	-0.85	1.27
2013 KS	BARCSOYSSR_08_0966	A2	1231	2.80	19.39	-0.84	0.14	0.70	0	2.34
2014 HRB1	BARCSOYSSR_08_0966	A2	1231	3.10	21.27	-0.52	-0.80	1.33	0	1.49
2013 KS	BARCSOYSSR_11_0442	B1	1224	3.72	19.35	0.51	0.08	0	-0.60	1.02
2014 HRB1	Sat_182	B2	1233	2.64	21.17	1.08	-1.78	0.70	0	3.76
2014 HRB1	Sat_264	B2	1232	3.79	20.96	-0.94	1.57	-0.63	0	2.72
2014 HRB2	Satt183	B2	1133	2.90	24.31	1.08	0	-1.08	0	2.06
2013 KS	Satt416	B2	1131	2.51	19.23	0.07	0	-0.07	0	0.03
2013 HRB	Sat_367	C1	1134	2.59	16.42	-1.68	0	0.84	0.84	6.93
2014 HRB2	Sat_367	C1	1134	3.07	24.95	-0.88	0	-0.94	1.82	1.78
2014 HRB2	Satt338	C1	1221	3.91	24.60	1.93	-1.93	0	0	6.88
2014 HRB2	BARCSOYSSR_06_0011	C2	1234	4.75	24.18	1.84	-0.17	-0.60	-1.07	2.45
2013 KS	Sat_153	C2	1234	3.85	19.14	-1.05	0.16	-0.06	0.96	3.18
2014 HRB1	Sat_153	C2	1234	3.53	20.95	-0.43	-0.54	-0.22	1.19	1.25
2013 KS	Satt281	C2	1234	3.75	19.30	-0.80	0.90	-0.54	0.44	3.08
2014 HRB2	AI856415	D1b	1224	4.13	24.80	0.85	-2.28	0	1.43	5.05
2013 KS	BARCSOYSSR_02_0607	D1b	1234	2.54	19.31	-0.92	0.96	-0.44	0.40	2.70
2014 HRB1	BARCSOYSSR_02_0607	D1b	1234	2.64	21.24	1.80	-0.61	-2.45	1.26	6.00
2014 HRB2	BARCSOYSSR_17_0160	D2	1233	2.58	24.51	-1.03	1.99	-0.96	0	3.00
2014 HRB1	BARCSOYSSR_17_1187	D2	1232	3.49	20.96	-1.92	1.47	0.44	0	4.14
2014 HRB1	BARCSOYSSR_17_1633	D2	1234	3.54	21.34	-0.19	-0.50	1.33	-0.64	1.05
2014 HRB1	Sat_354	D2	1133	2.78	21.06	0.34	0	-0.34	0	0.23
2014 HRB2	Satt268	E	1233	2.62	24.53	1.66	-2.06	0.40	0	4.35
2013 KS	Satt720	E	1231	2.58	19.49	-0.20	0.39	-0.18	0	0.15
2014 HRB1	Sat_313	F	1214	2.73	21.22	-0.29	0.29	0	0	0.13
2013 KS	Satt374	F	1231	2.54	20.03	-1.41	0.91	0.50	0	5.14
2013 HRB	BARCSOYSSR_18_1813	G	1231	3.00	15.26	1.05	1.24	-2.29	0	2.74
2013 HRB	Satt688	G	1131	3.22	15.23	1.72	0	-1.72	0	8.10
2014 HRB2	Satt541	H	1221	2.75	23.52	1.12	-1.12	0	0	2.20
2014 HRB1	Satt529	J	1133	2.51	21.00	1.36	0	-1.36	0	3.88
2014 HRB2	Satt529	J	1133	3.91	24.36	1.02	0	-1.02	0	1.80
2013 HRB	Satt547	J	1232	2.77	15.67	-1.06	1.16	-0.10	0	3.35
2014 HRB1	BARCSOYSSR_09_0183	K	1232	3.83	22.10	3.19	-2.51	-0.68	0	9.37
2014 HRB2	Satt055	K	1221	2.79	23.80	1.38	-1.38	0	0	2.95
2014 HRB1	Satt242	K	1212	3.08	21.17	1.59	-1.59	0	0	5.19
2013 HRB	Satt273	K	1232	2.62	16.19	0.86	-0.97	0.11	0	3.17
2013 HRB	BARCSOYSSR_19_0451	L	1234	2.82	16.25	-0.05	1.20	-0.64	-0.51	2.22
2014 HRB1	BARCSOYSSR_19_0451	L	1234	2.81	20.83	0.83	0.93	-1.03	-0.73	1.82
2014 HRB1	Sat_187	L	1233	2.91	20.79	-1.76	0.40	1.36	0	3.40
2013 HRB	Satt229	L	1233	3.06	16.08	1.34	0.54	-1.88	0	8.25
2014 HRB2	Satt229	L	1233	2.95	24.29	1.08	1.22	-2.30	0	4.42
2013 KS	Satt462	L	1214	2.70	19.31	0.58	-0.64	0	0.06	1.74
2013 HRB	Satt664	L	1133	3.31	15.34	1.50	0	-1.50	0	7.86
2014 HRB1	BARCSOYSSR_03_1620	N	1233	2.95	21.44	0.21	1.39	-1.60	0	3.10
2014 HRB2	BARCSOYSSR_03_1620	N	1233	4.09	25.09	-0.42	2.73	-2.31	0	7.38

3 讨 论

目前国内外大都依据双亲本杂交衍生的分离群体设计作图^[1-7],而双亲本的杂交设计中的 QTL 位点只涉及 2 个等位基因,多态性较低,影响 QTL 位点的检测且不能用于推测出其他组合,而四向杂交群体的设计可同时应用 2 个以上的等位基因遗传效应进行变异分析,更容易检测到目标性状的 QTL。本研究利用单标记遗传分析共检测到 46 个与单株产量相关的 QTL 位点,遗传率为 0.15%~9.37%。

与双亲本杂交衍生的分离群体相比,四向重组自交系群体还可以通过等位基因型效应比较找到改进目标性状的优异等位基因型。如本研究中找到可提高单株产量的优异等位基因型 BARCSOYSSR_02_0607 (Q1Q1)、BARCSOYSSR_03_1620 (Q2Q2)、BARCSOYSSR_09_0183 (Q1Q1)、Satt229 (Q2Q2)、Sat_367 (Q3Q3)、Satt338 (Q1Q1)、Satt229 (Q1Q1)、Satt668 (Q1Q1),可在明确这些位点间相互作用(上位)的基础上,通过标记辅助进行分子设计育种。

本研究发现大部分单株产量 QTL 只能在单一环境下被检测到,说明产量 QTL 与环境之间存在明显的互作,受环境影响较大,与前人报道相一致^[7]。大豆产量性状是由多个基因所控制的复杂的数量性状,很容易受环境的影响,所定位出的 QTL 位点还需要在不同遗传背景和多种环境下的重复检测和验证,从而寻找贡献率较大且稳定的 QTL,以提供于品种改良和分子标记辅助选择育种,所以保证 QTL 位点的真实性必须考虑在多年多点的多环境下分析 QTL,才能保证 QTL 定位的准确性。本研究所检测的标记位点中,BARCSOYSSR_08_0966 在 2013 年克山和 2014 年哈尔滨一播期两个环境中重复检测,Sat_367 在 2013 年哈尔滨和 2014 年哈尔滨二播期两个环境中重复检测,Sat_153 在 2013 年克山和 2014 年哈尔滨一播期两个环境中重复检测,BARCSOYSSR_02_0607 在 2013 年克山和 2014 年哈尔滨一播期两个环境中重复检测,Satt529 在 2014 年哈尔滨一播期和 2014 年哈尔滨二播期两个环境中重复检测。可认为这些 QTL 是准确定位的,可用于分子设计育种。

参考文献

- [1] Boerma H R, Specht J E. Soybeans: Improvement, production and uses[M]. 3rd ed. USA: SSSA Publishers, 2004:303-396.
- [2] 梁慧珍,余永亮,杨红旗,等. 大豆产量及主要农艺性状 QTL 的上位性互作和环境互作分析[J]. 作物学报, 2014,40(1): 37-44. (Liang H Z, Yu Y L, Yang H Q, et al. Epistatic effects and QTL × environment interaction effects of QTLs for yield and agronomic traits in soybean[J]. Acta Agronomica Sinica, 2014, 40(1): 37-44.)
- [3] Chen Q, Zhang Z, Liu C, et al. QTL analysis of major agronomic traits in soybean[J]. Agricultural Sciences in China, 2007, 6(4):399-405.
- [4] Vieira A, Oliveira D, Soares D, et al. Use of the QTL approach to the study of soybean trait relationships in two populations of recombinant inbred lines at the F₇ and F₈ generations[J]. Journal of Plant Physiology, 2006, 18(2):281-290.
- [5] Liu W, Kim M, van K, et al. QTL identification of yield-related traits and their association with flowering and maturity in soybean[J]. Crop Science Biotechnology, 2011, 14(1):65-70.
- [6] 刘春燕,齐照明,韩冬伟,等. 大豆产量相关性状的多年多点 QTL 分析[J]. 东北农业大学学报, 2010,41(11):1-9. (Liu C Y, Qi Z M, Han D W, et al. QTL analysis of yield components on soybean under different environment[J]. Journal of Northeast Agricultural University, 2010, 41(11):1-9.)
- [7] 姚丹,王丕武,张君,等. 大豆主要产量性状 QTL 定位分析[J]. 华南农业大学学报, 2014, 35(3): 41-46. (Yao D, Wang P W, Zhang J, et al. A QTL mapping analysis of main yield traits in soybean[J]. Journal of South China Agricultural University, 2014, 35(3): 41-46.)
- [8] 宁海龙,梁世鑫,蒋红鑫,等. 应用极大似然法分析大豆四向重组自交系群体株高与主茎节数的主基因遗传效应[J]. 大豆科学, 2013, 32(4): 438-444. (Ning H L, Liang S X, Jiang H X, et al. Genetic effects analysis of major genes underlying plant height and main stem nodes in a soybean four-way recombinant inbred lines population through maximum likelihood method[J]. Soybean Science, 2013, 32(4): 438-444.)
- [9] 王珍,方宣钧. 植物 DNA 分离[J]. 分子植物育种, 2003, 1(2): 281-288. (Wang Z, Fang X J. Separation of DNA in plant[J]. Molecular Plant Breeding, 2003, 1(2): 281-288.)
- [10] Cregan P B, Jarvik T, Bush A L, et al. An integrated genetic linkage map of the soybean genome[J]. Crop Science, 1999, 39(5): 1464-1490.
- [11] Song Q J, Marek L F, Shoemaker R C, et al. A new integrated genetic linkage map of the soybean[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2004, 109(1): 122-128.