

大豆四向重组自交系群体全生育期 QTL 的单标记分析

宁海龙, 吴昊, 李文滨, 薛红, 李柏云, 李琦, 白雪莲, 李文霞

(东北农业大学 农学院/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:以含有 160 个株系的四向重组自交系为试验材料,通过 188 个 SSR 标记鉴定个体基因型,利用单标记分析方法,分析了 2 年 4 点试验获得全生育期表型数据,对该群体的全生育期进行了 QTL 定位分析。结果表明:在 2013 和 2014 年哈尔滨、克山 3 个环境下定位了控制大豆全生育期的 14 个 QTL,分别定位在大豆 20 个连锁群中的 A2、B2、C1、C2、D1b、E、F、G、K、L、N 共 11 个连锁群上,遗传率为 1.34% ~ 9.19%。可延长全生育期的优异等位基因型有 BARCSOYSSR_08_0966(Q3Q3)、Sat_177(Q2Q2)、Sct_186(Q3Q3)、Satt307(Q3Q3)、Satt557(Q1Q1)、Satt577(Q2Q2)、Sat_351(Q1Q1)、Satt268(Q1Q1)、Sct_199(Q1Q1)、Satt273(Q3Q3)、Satt229(Q1Q1)、Satt664(Q1Q1)、Satt125(Q4Q4),能够缩短全生育期的优异等位基因型有 BARCSOYSSR_08_0966(Q2Q2)、Sat_177(Q1Q1)、Sct_186(Q1Q1)、Satt307(Q2Q2)、Satt557(Q2Q2)、Satt577(Q4Q4)、Sat_351(Q2Q2)、Satt268(Q3Q3)、Sct_199(Q3Q3)、Satt273(Q2Q2)、Satt229(Q3Q3)、Satt664(Q3Q3)、Satt125(Q3Q3)。Satt307、Satt199 和 Satt125 这 3 个 QTL 在 2 个环境重复检测到,其中 Satt199 在两个环境中的遗传率和等位基因的遗传效应差异较小,受环境条件的影响较小,可用于分子设计育种。

关键词:大豆;四向重组自交系群体;全生育期;QTL;优异等位基因型

中图分类号:5565.1 **文献标识码:**A **DOI:**10.11861/j.issn.1000-9841.2015.06.1081

Single Marker Analysis on QTLs Controlling Maturity Period in Soybean Using A Four-way Recombinant Inbred Lines Population

NING Hai-long, WU Hao, LI Wen-bin, XUE Hong, LI Bai-yun, LI Qi, BAI Xue-lian, LI Wen-xia

(Agronomy College of Northeast Agricultural University/Key Laboratory of Soybean Biology in Ministry of Education/Key Laboratory of Soybean Biology and Breeding/Genetics of Chinese Agriculture Ministry, Harbin 150030, China)

Abstract: In this paper a four-way recombinant inbred lines population with 160 individuals were used to map QTLs underlying the maturity period. 188 SSR primers were used to identify the genotype of the individuals. The maturity period was recorded in the 4 planting environments trails. Single marker analysis method was utilized to analyze the genotypic data and phenotypic data. The result showed that 14 QTLs conditioning maturity period were mapped to located in 11 linkage groups, i. e., A2, B2, C1, C2, D1b, E, F, G, K, L and N, and the heritability varied from 1.34% to 9.19%. The excellent allelic genotype that could delay the maturity include BARCSOYSSR_08_0966(Q3Q3), Sat_177(Q2Q2), Sct_186(Q3Q3), Satt307(Q3Q3), Satt557(Q1Q1), Satt577(Q2Q2), Sat_351(Q1Q1), Satt268(Q1Q1), Sct_199(Q1Q1), Satt273(Q3Q3), Satt229(Q1Q1), Satt664(Q1Q1), Satt125(Q4Q4), and those that could shorten the maturity include BARCSOYSSR_08_0966(Q2Q2), Sat_177(Q1Q1), Sct_186(Q1Q1), Satt307(Q2Q2), Satt557(Q2Q2), Satt577(Q4Q4), Sat_351(Q2Q2), Satt268(Q3Q3), Sct_199(Q3Q3), Satt273(Q2Q2), Satt229(Q3Q3), Satt664(Q3Q3), Satt125(Q3Q3). Among three QTLs i. e., Satt307, Satt199 and Satt125, which were detected in two environments simultaneously, Satt199 showed little variation in effects of allelic genotypes and heritability across two environments, which showed Satt199 could be used in molecular design breeding.

Keywords: Soybean; Four-way recombinant inbred lines population; Maturity; QTL; Excellent allelic genotype

大豆的生育期性状是决定生产的重要性状之一,对产量和品质形成至关重要。大豆是短日照作物,Johnson 等^[1]研究了不同成熟期品种的光周期反应特性并发现早熟品种一般受光周期影响较小,而晚熟品种的开花期和成熟期在很大程度上取决于光周期的长短。利用分子标记定位控制生育期的

QTL 对了解生育期性状的遗传规律有着重要的意义。Mcblain 等^[2]用两个普通栽培品种作为轮回亲本,建立了 Clark、Harosoy 近等基因系,对其近等基因的比较,发现了 E1、E2、E6 等影响大豆成熟期的基因^[3-4]。研究表明,E1 对延迟开花的作用最大,缩短开花到成熟的时间。E2 同时延长开花期和成熟

收稿日期:2015-03-19

基金项目:黑龙江省教育厅科学技术研究重点项目(12541x001);黑龙江省博士后科研启动基金(LBH-Q12152);黑龙江省博士后科研启动基金(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@yahoo.com。

期。Keim 等^[5]首次对大豆开花期进行 QTL 定位,定位到 3 个与开花期相关的标记位点,所得标记能解释的表型变异范围为 21% ~ 23%,分布在 M 连锁群上;就成熟期的 QTL 定位而言,Keim 等^[5]最先利用 F_2 群体定位到 5 个与成熟期相关的 QTL 位点,分布在 H 和 M 连锁群上,可解释的表型变异范围为 17% ~ 21%;之后 Lee 等^[6]同样用 F_2 群体定位到 2 个与成熟期相关的标记位点,分布在 K 连锁群上,可解释的表型变异范围为 26% ~ 32%;Mansur 等^[7]利用 RIL 群体定位到 3 个与成熟期相关的 QTL 位点,分布在 C2、J、A2 连锁群上,可解释的表型变异为 8.7% ~ 24.9%。Watanabe 等^[8]检测到 4 个与成熟期相关的 QTL。Kim^[9]等定位出 8 个与全生育期相关的 QTL 位点。Wang 等^[10]在 C2、D1a、H 连锁群上发现 3 个与大豆全生育期相关的 QTL 位点,遗传率为 3.4% ~ 46.9%。

前人进行基因定位的遗传群体主要来源于 2 个亲本的杂交后代,连锁分析时一个位点只涉及 2 个等位基因。而四向重组自交系群体 (four-way recombinant inbred lines, FW-RIL) 是利用 4 个亲本两两交配形成 F_1 世代,再用 2 个 F_1 世代交配,对交配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,同时,还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。在前期的研究工作中,应用 4 个全生育期差异较大的亲本杂交,获得了四向重组自交系群体。本研究应用前期研究得到的大豆四向重组自交系群体 (FW-RIL)^[11],利用 SSR 等分子标记技术鉴定个体的基因型,在 3 个种植环境下调查大豆各生育期 (出苗期、始花期、结荚期、鼓粒期、完熟期) 性状,应用单标记分析方法,对全生育期进行 QTL 定位,探索东北地区自然条件下表达的大豆生育期相关的 QTL,为大豆生育期性状的分子标记辅助育种提供参考。

1 材料与方法

1.1 材料

采用在 2008 年用生育期性状相对差异较大的 4 个大豆亲本,垦丰 14 (P1, 生育期 120 d)、垦丰 15 (P2, 生育期 116 d)、黑农 48 (P3, 生育期 118 d) 和垦丰 19 (P4, 生育期 112 d) 配制 2 个杂交组合,分别获得 F_1 ,在 2009 年将 2 个 F_1 进行杂交,获得 FW- F_1 世代,将 FW- F_1 在哈尔滨和三亚连续自交 4 代,每一家系按单粒传法摘粒,获得四向重组自交系群体包

含 160 个家系,构成定位群体。

1.2 方法

将 P1、P2、P3、P4 和 FW-RIL 在田间种植,分别于 5 月 10 日,5 月 20 日种植于哈尔滨香坊农场并于 5 月 10 日同时种植于克山试验点。田间试验各家系种植行长 3 m,行距 0.8 m,株距 0.07 m。田间管理同一般大田栽培。在群体出苗之后按株系调查出苗期和成熟期性状。其中出苗期的记载标准为幼苗子叶出土达到 50% 的日期,完熟期的记载标准为 95% 以上的株数达到成熟时的日期。

1.3 分子标记分析

1.3.1 大豆总基因组 DNA 提取 采集 FW-RIL 每个株系的幼叶 200 mg,提取叶片总基因组 DNA,保存于 50 μ L 去离子水中,并用分光光度计进行浓度测定,稀释至 100 ng· μ L⁻¹。

1.3.2 SSR 标记分析 参照 2003 年 Cregan 等^[12]和 Song 等^[13]发表的大豆公共图谱挑选引物初步挑选了 560 对 SSR 引物,根据 SoyBase 网站提供的大豆 SSR 序列合成引物,在 4 个亲本之间进行多态性筛选,其中 188 对引物在 4 个亲本之间表现良好的多态性,利用 188 对 SSR 引物在 FW-RIL 群体的 160 个后代株系上进行 PCR 扩增。

PCR 扩增反应采用 20 μ L 反应体系:30 ng 总 DNA,1.5 μ mol·L⁻¹ 引物 (包括上游引物和下游引物),2.5 μ mol·L⁻¹ dNTP,1.5 μ L 10 × buffer,1U Taq 酶,用超纯水补足 20 μ L。

PCR 反应在 T-Gradient 进行,扩增条件为:94℃ 预变性 10 min,进入循环:94℃ 变性 30 s;50℃ 复性 30 s;72℃ 延伸 30 s;循环 38 次后 72℃ 延伸 5 min,置于 4℃ 下保存。电泳方法为每个 PCR 反应体系加上 8 μ L 甲酰胺双 Loading Buffer (在 PCR 板上),置 PCR 仪中变性 10 min,然后放入冰上冷却。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。

银染方法为:用 10% 酒精 + 0.5% 乙酸固定凝胶 3 min,接着在 10% 酒精 + 0.5% 乙酸 + 0.2% AgNO₃ 中染色 10 min,清水漂 2 min 后有 3% NaOH + 0.5% 甲醛中显色 5 ~ 10 min。

1.3.3 数据记录 对于共显性的 SSR 标记,根据扩增的电泳结果,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 数据统计方法

1.4.1 表型数据统计分析 对不同环境条件下全

生育期表型数据分别进行描述分析,并对不同环境下的表型值进行联合方差分析。应用个变异来源的均方估计相应的方差分量,估计各性状的遗传率。

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)的等位基因型可有4、3或2种,以含有4种等位基因型的位点为例说明。假定某一位点的4种等位基因型分别为 M_1M_1 、 M_2M_2 、 M_3M_3 和 M_4M_4 ,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 $\sum a_i = 0, i = 1, 2, 3, 4$ 。应用极大似然法可估计 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。

2 结果与分析

2.1 表型性状的分析

对2年3个环境下生育期的描述性分析(表1)和方差分析(表2)可看出,FW-RIL的全生育期存在较大的变异,并且不同环境间存在极显著差异。因此,可用该群体进行QTL定位研究,并且不同环境下可能发现不同的QTL。

表1 全生育期的描述性分析

Table 1 Description analysis on maturity period

环境 Environment	亲本 Parents				FW-RIL			
	垦丰 14 Kenfeng 14	垦丰 15 Kenfeng 15	垦丰 19 Kenfeng 19	黑农 48 Heinong 48	平均 Mean	方差 Variance	最小值 Min.	最大值 Max.
2013 KS	117	120	122	119	119.83	39.37799	101	132
2014 HS1	106	116	104	125	117.96	97.90311	99	148
2014 HS2	120	117	112	107	114.97	81.14773	91	138

2013 KS 为2013年克山种植环境;2014 HS1 为2014年哈尔滨一播期种植环境;2014 HS2 为2014年为哈尔滨二播期种植环境。下同。

2013 KS indicates planting environment of Keshan in 2013; 2014 HS1 indicates planting environment of first sowing date in Harbin in 2014; 2014 HS2 indicates planting environment of second sowing date in Harbin in 2014. The same below.

表2 FW-RIL 在不同环境下全生育时期方差分析

Table 2 Analysis of variance on maturity period in soybean FW-RIL

变异来源 Source	DF	SS	MS	F	方差分量 Variation component
环境 Environment	2	4428.47	2214.24	13.08**	12.78
基因型 Genotype	159	42958.35	270.18	1.60**	50.45
误差 Error	313	52984.00	169.28		169.28
遗传率 Heridity					21.72

2.2 QTL 定位

在3个环境中检测到控制大豆全生育期的14个QTL,分别定位在大豆20个连锁群中的A2、B2、C1、C2、D1b、E、F、G、K、L和N共11个连锁群上(表3),遗传率为1.34%~9.19%,遗传率较高的QTL有BARCSOYSSR_08_0966、Sat_177、Satt307、Satt557、Satt273、Satt125。可延长全生育期的优异等位基因型有BARCSOYSSR_08_0966(Q3Q3)、Sat_177(Q2Q2)、Sct_186(Q3Q3)、Satt307(Q3Q3)、Satt557(Q1Q1)、Satt577(Q2Q2)、Sat_351(Q1Q1)、Satt268(Q1Q1)、Sct_199(Q1Q1)、Satt273(Q3Q3)、Satt229(Q1Q1)、Satt664(Q1Q1)、Satt125(Q4Q4),能够缩短全生育期的优异等位基因型有BARC-

SOYSSR_08_0966(Q2Q2)、Sat_177(Q1Q1)、Sct_186(Q1Q1)、Satt307(Q2Q2)、Satt557(Q2Q2)、Satt577(Q4Q4)、Sat_351(Q2Q2)、Satt268(Q3Q3)、Sct_199(Q3Q3)、Satt273(Q2Q2)、Satt229(Q3Q3)、Satt664(Q3Q3)、Satt125(Q3Q3)。Satt307、Satt199和Satt125这3个QTL在2个环境重复检测到,但是Satt125和Sct_307位点对全生育期的遗传贡献率(遗传率)却差异很大,并且等位基因效应差异较大,说明这个位点存在基因型×环境互作效应;而Satt199在2个环境中的遗传率和等位基因的遗传效应差异较小,受环境条件的影响较小,可用于分子设计育种。

表 3 全生育期 QTL
Table 3 QTL underlying maturity period

环境 Environment	QTL	连锁群 LG	基因型 Genotype	LOD	平均 Mean	A1	A2	A3	A4	h ²
2013KS	BARCSOYS SR_08_0966	A2	1231	3.81	119.87	-0.05	-2.48	2.53	-	9.19
2013 KS	Sat_177	B2	1222	2.57	118.67	-1.92	1.92	-	-	5.97
2013 KS	Sct_186	C1	1133	2.58	119.89	-1.21	-	1.21	-	3.54
2013 KS	Satt307	C2	1233	3.15	119.37	0.55	-2.52	1.97	-	4.22
2014 HS2	Satt307	C2	1233	3.35	113.38	2.78	-4.62	1.83	-	7.45
2014 HS2	Satt557	C2	1233	4.54	113.94	2.92	-1.56	-1.36	-	5.51
2014 HS1	Satt577	C2	1234	3.10	118.12	-0.22	4.01	0.63	-4.42	4.63
2014 HS2	Sat_351	D1b	1233	4.24	115.04	2.46	-1.85	-0.61	-	3.05
2013 KS	Satt268	E	1233	2.72	119.87	1.38	-0.13	-1.25	-	2.85
2014 HS2	Sat_313	F	1214	2.77	115.11	-1.37	0.94	-	0.43	1.34
2013 KS	Sct_199	G	1133	3.13	120.31	1.42	-	-1.42	-	4.46
2014 HS1	Sct_199	G	1133	2.83	118.62	1.69	-	-1.69	-	2.57
2014 HS1	Satt273	K	1232	2.99	119.04	-1.28	-3.01	4.29	-	6.05
2014 HS2	Satt229	L	1233	3.47	114.70	2.03	0.33	-2.36	-	4.22
2014 HS2	Satt664	L	1133	3.39	114.27	1.91	-	-1.91	-	3.60
2014 HS1	Satt125	N	1234	2.70	118.17	-0.80	2.61	-3.50	1.68	3.34
2014 HS2	Satt125	N	1234	2.52	113.76	3.45	-0.43	-3.11	0.09	6.91

3 讨论

本研究在 2013 和 2014 年哈尔滨、克山的 3 个环境下定位了控制大豆全生育期的 14 个 QTL, 分别定位在大豆 20 个连锁群中的 A2、B2、C1、C2、D1b、E、F、G、K、L、N 共 11 个连锁群上。Wang 等^[10]在 C2、D1a 和 H 连锁群上发现 3 个与大豆全生育期相关的 QTL 位点, 遗传率为 3.4% ~ 46.9%, 本文定位的全生育期的 QTL 在 C2 连锁群上, 标记位点在 Satt307 处, 这与 Wang 等^[10]所发现的相一致, 但本研究的遗传率是 4.22%。

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。如本文中可延长全生育期的优异等位基因型有 BARCSOYSSR_08_0966 (Q3Q3)、Sat_177 (Q2Q2)、Sct_186 (Q3Q3)、Satt307 (Q3Q3)、Satt557 (Q1Q1)、Satt577 (Q2Q2)、Sat_351 (Q1Q1)、Satt268 (Q1Q1)、Sct_199 (Q1Q1)、Satt273 (Q3Q3)、Satt229 (Q1Q1)、Satt664 (Q1Q1)、Satt125 (Q4Q4), 能够缩短全生育期的优异等位基因型有 BARCSOYSSR_08_0966 (Q2Q2)、Sat_177 (Q1Q1)、Sct_186 (Q1Q1)、Satt307 (Q2Q2)、

Satt557 (Q2Q2)、Satt577 (Q4Q4)、Sat_351 (Q2Q2)、Satt268 (Q3Q3)、Sct_199 (Q3Q3)、Satt273 (Q2Q2)、Satt229 (Q3Q3)、Satt664 (Q3Q3)、Satt125 (Q3Q3)。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。

大豆全生育期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。为保证 QTL 位点的真实性必须在多年多点的多环境试验数据定位的 QTL, 才能保证 QTL 定位的准确性。本试验所检测的标记位点中, Satt307、Satt199 和 Satt125 这 3 个 QTL 在 2 个环境重复检测到, 其中 Satt199 在 2 个环境中的遗传率和等位基因的遗传效应差异较小, 受环境条件的影响较小, 可用于分子设计育种。本试验发现大部分全生育期 QTL 只能在单一环境下被检测到, 说明全生育期 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。还需要在多个环境条件进行分析以找到稳定的 QTL。

(下转第 1089 页)

生产能力相对较强,河南省、吉林省、新疆、陕西省、江苏省和辽宁省的大豆生产能力紧随其后,而山东省、四川省和河北省的大豆生产能力还有待于进一步提高,云南省、湖南省、湖北省和江西省的大豆生产能力相对较弱。

依据本文对 16 个大豆产区的生产能力的评价,各个产区的生产潜力及发展战略为:黑龙江省、内蒙古和安徽省大豆的生产潜力巨大,应继续保持这 3 个产区的大豆生产现状,使其带动大豆产业发展;重点培养河南省、吉林省、新疆、陕西省、江苏省和辽宁省大豆的生产能力,使其能够稳步前进;对于山东省、四川省、河北省、云南省、湖南省、湖北省和江西省,宜结合实际情况,做好作物结构调整,适度挖掘大豆生产潜力。

参考文献

- [1] 乔金友, 张晓丹, 王奕娇, 等. 规模化大豆产区大豆联合收获机综合评价与优选[J]. 东北农业大学学报, 2014, 45(8): 124-128. (Qiao J Y, Zhang X D, Wang Y J, et al. Evaluation and selection on soybean combines in large-scale planting area [J]. Journal of Northeast Agricultural University, 2014, 45(8): 124-128.)
- [2] 王晓燕, 乔金友, 吴志跃. 模糊综合评判法与参数投影寻踪评价模型在农机选型中的对比研究[J]. 农业系统科学与综合研究, 2004, 20(1): 74-76. (Wang X Y, Qiao J Y, Wu Z Y. The contrast study between fuzzy synthesis judgment and projection pursuit classification models on farm machinery selection[J]. System Sciences and Comprehensive Studies in Agriculture, 2004, 20(1): 74-76.)
- [3] 王福林. 农业系统工程[M]. 北京: 中国农业出版社, 2009. (Wang F L. Agriculture systems engineering[M]. Beijing: China Agriculture Press, 2009.)
- [4] 中国农业年鉴: 2012[M]. 北京: 中国农业出版社, 2013. (China Agricultural Yearbook: 2012[M]. Beijing: China Agricultural Press, 2013.)
- [5] 孙立娜, 左鹏, 于金平, 等. 模糊 C-均值聚类分析的黑龙江省大豆种植业战略分区研究[J]. 大豆科技, 2014(2): 10-17. (Sun L N, Zuo P, Yu J P, et al. Strategic planning of soybean planting in Heilongjiang province based on Fuzzy C-Means Clustering[J]. Soybean Science & Technology, 2014(2): 10-17.)
- [6] 刘志强, 金晶, 陈渊. 基于 AHP 层次分析法的东北农业可持续发展能力的动态评价及分区预警[J]. 农业系统科学与综合研究, 2010, 26(2): 240-247. (Liu Z Q, Jin J, Chen Y. Dynamic evaluation and regional warning system for sustainable development capacity of agriculture in Northeast China by step analysis of AHP[J]. System Sciences and Comprehensive Studies in Agriculture, 2010, 26(2): 240-247.)
- [7] 廖晶晶, 罗海波, 韦举顺. 基于层次分析法的工矿废弃土地复垦潜力分区研究[J]. 中国农学通报, 2011, 27(9): 216-220. (Liao J J, Luo H B, Wei J S. Study on abandoned location of industry and mining reclamation potential subarea based on the Analytic Hierarchy Process (AHP)[J]. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2011, 27(9): 216-220.)
- [8] 汪越胜, 盖钧镒. 中国大豆栽培区划的修正: I. 修正方案与修正理由[J]. 大豆科学, 2000, 19(3): 203-209. (Wang Y S, Gai J Y. Study on cultivating regions of soybeans in China[J]. Soybean Science, 2000, 19(3): 203-209.)
- [9] 盖钧镒, 汪越胜. 中国大豆品种生态区域划分的研究[J]. 中国农业科学, 2001, 34(2): 139-145. (Gai J Y, Wang Y S. A study on the varietal ecotegions of soybeans in China[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2001, 34(2): 139-145.)
- [10] 杨尚威. 中国小麦生产区域专业化研究[D]. 重庆: 西南大学, 2011. (Yang S W. Study on regional specialization of China's wheat planting[D]. Chongqing: Southwestern University, 2011.)

(上接第 1084 页)

参考文献

- [1] Johnson H W, Borthwick H A, Leffel R C. Effects of photoperiod and time of planting of rates of development of the soybean in various stages of the life cycle [J]. Botanical Gazette, 1960, 122: 77-95.
- [2] Mcblain B, Bernard R L. A new gene affecting the time of flowering and maturity in soybean [J]. Journal of Heredity, 1987, 78: 160-162.
- [3] Bernard R L. Two genes for time of flowering and maturity in soybean [J]. Crop Science, 1917, 11: 242-244.
- [4] Bonato E R, Vello N A. E6, a dominant gene conditioning early flowering and maturity in soybean[J]. Genetics and Molecular Biology, 1999, 22: 229-232.
- [5] Keim P, Diem 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.
- [6] Lee S H, Park K Y, Lee H S, et al. Genetic mapping of QTLs conditioning soybean sprout yield and quality[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2001, 103: 702-709.
- [7] 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: 1327-1336.
- [8] Watanabe S, Tadjuddin T, Yamanaka N, et al. Analysis of QTLs for reproductive development and seed quality traits in soybean using recombinant inbred lines[J]. Breed Science, 2004, 54: 399-407.
- [9] Kim K, Diers B, Hyten D, et al. Identification of positive yield QTL alleles from exotic soybean germplasm in two backcross populations [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2012, 125: 1353-1369.
- [10] Wang D, Graef G L, Procopiuk A M, et al. Identification of putative QTL that underlie yield in interspecific soybean backcross populations [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2004, 108: 458-467.
- [11] 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.)
- [12] 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.
- [13] 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.