

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.

大豆主要产量性状 QTL 定位分析

姚 丹¹, 王丕武², 张 君², 刘占柱², 关淑艳¹, 刘思言¹, 曲 静²
(1 吉林农业大学 生命科学学院, 吉林 长春 130118; 2 吉林农业大学 农学院, 吉林 长春 130118)

摘要:【目的】进一步发掘与大豆产量性状紧密连锁且稳定存在的标记位点,为分子标记辅助选择培育高产大豆新品种奠定理论基础。【方法】利用 QTL IciMapping v2.2 完备区间作图法连续 2 年对 F₂ 及其衍生群体中 4 个主要产量相关性状进行 QTL 定位及效应分析。【结果和结论】以 LOD = 2.5 为阈值,在大豆单株粒数、单株粒质量、百粒质量和单株荚数 4 个主要产量性状上共检测到 19 个具有明显加性效应的 QTLs,其中主效 QTLs 15 个,即单株粒数 QTLs 3 个,单株荚数 QTLs 2 个,单株粒质量 QTLs 10 个,分布于 4(C2)、12(G)、6(A1)和 17(M) 4 个连锁群上;定位到了 3 个在 2 年间稳定存在的 QTLs,即单株粒数 QTL *qNSPP-12-1*、单株粒质量 QTLs *qSWPP-12-1* 和 *qSWPP-12-2*;研究初步确定了 1 个新的大豆单株粒质量 QTL *qSWPP-12-5*。研究中检测到的稳定存在和主效 QTLs 对今后大豆遗传育种研究将具有重要的指导意义。

关键词:大豆; 产量性状; SSR; 完备区间作图法; QTL 定位
中图分类号:S565.103 **文献标志码:**A **文章编号:**1001-411X(2014)03-0041-06

A QTL mapping analysis of main yield traits in soybean

YAO Dan¹, WANG Piwu², ZHANG Jun², LIU Zhanzhu², GUAN Shuyan¹, LIU Siyan¹, QU Jing²
(1 College of Life Science, Jilin Agricultural University, Changchun 130118, China;
2 College of Agronomy, Jilin Agricultural University, Changchun 130118, China)

Abstract:【Objective】This study explored closely linked and stable marker loci of soybean yield traits, giving a theoretical basis for cultivating high yield soybean varieties by marker-assisted selection. 【Method】QTL mapping and effects of four major yield-related traits were analyzed using QTL IciMapping v2.2 complete interval mapping method for two years in soybean F₂ and its derived populations. 【Result and conclusion】The results showed that the LOD = 2.5 was the threshold, and nineteen obvious additive effect QTLs were detected in the number of soybean seeds per plant, seeds mass per plant, 100 seeds mass and number of pods per planting four major production traits, including 15 main effect QTLs, namely, the number of seeds per plant QTLs 3, the number of pods per plant QTLs 2, seeds mass per plant QTLs 10, which were located at 4 (C2), 12 (G), 6 (A1) and 17 (M) 4 linkage groups. In addition, three stable QTLs were located in two years, namely, the number of seeds per plant QTL *qNSPP-12-1*, seeds mass per plant QTLs *qSWPP-12-1* and *qSWPP-12-2*. One new QTL of seeds mass per plant was preliminarily located, namely, *qSWPP-12-5*. The stable existence and main effect QTLs which were detected in this study will give important guiding significance for soybean genetics and breeding in the future research.

Key words:soybean; yield traits; SSR; inclusive composite interval mapping; QTL location

收稿日期:2013-06-06 优先出版时间:2014-03-31
优先出版网址:<http://www.cnki.net/kcms/doi/10.7671/j.issn.1001-411X.2014.03.008.html>
作者简介:姚 丹(1977—),女,副教授,博士,E-mail: 810529668@qq.com;通信作者:王丕武(1958—),男,教授,E-mail: peiwuw@163.com
基金项目:吉林省重点科技攻关项目(20140204021NY);吉林省教育厅科学技术研究项目(2011-41);吉林省科技厅重点科技攻关项目(20110213);吉林农业大学校内启动基金(201242);吉林省科技厅科技引导计划项目(201101111)

大豆 *Glycine max* L. Merrill 育种中最重要的性状是产量性状,籽粒产量是经济产量的基础.大豆产量与许多性状有关,如百粒质量、单株粒数、单株荚数、单株粒数等产量构成因子,这些性状均属多基因控制的复杂的数量性状,易受环境条件的影响,因此难以表型性状对其选择难度较大.随着分子遗传学和分子标记技术的发展,通过标记辅助育种技术选育与目标性状相关的品种,将极大地推动育种事业的发展.据 SoyBase 资料和相关文献报道,目前国内外已在 20 多个分离群体检测出 130 多个与大豆产量有关的 QTL,分布于 18 个连锁群,主要集中在 C2、L、M、K、G 等连锁群^[1-5].近 50 年来,我国大豆种植面积逐年缩减,大豆单产增长缓慢,大豆产量已远远不能满足人们对于大豆的需求,大豆进口量已占到国内大豆总需求量的 3/4.因此进一步提高大豆单产和培育高产大豆新品种已经成为目前国内大豆育种工作者迫在眉睫的工作.

对大豆主要产量性状进行遗传学方面的深入研究是培育高产大豆育种工作中必须解决的问题.自 1990 年 Keim 等^[6]开始大豆性状的 QTL 分析以来,与大豆产量相关的 QTL 报道日益增多,吴晓雷等^[7]利用科丰 1 号 × 南农 1138-2 的 RIL 群体进行 QTL 分析,发现 4 个产量 QTL 和 6 个百粒质量 QTL 分布在不同的连锁群. Yuan 等^[8]检测到 3 个产量相关 QTL 分别位于 C1、I、K 连锁群,各解释了 10% 的遗传变异. Zhang 等^[9]利用同一组合的 RIL 群体发现 7 个小区产量 QTL、4 个百粒质量 QTL 和 6 个每节荚数 QTL. Reinprecht 等^[10]利用 F_5 株系组成的 RIL 群体在 2 年 3 点的试验中共检测到 11 个产量 QTL 和 7 个百粒质量 QTL,部分 QTL 能够重复检测到;Concibido 等^[11]对 HS21 × PI407305 的回交自交系群体进行产量 QTL 分析,发现一个来自野生大豆 PI407305 的产量 QTL 位于 B2 连锁群,其贡献率为 8.0% ~ 9.4%.虽然国内外有关产量性状相关的 QTL 报道较多,但是所用亲本多集中在有限的几个组合上,而 QTL 定位结果受遗传背景影响较大,只有在不同群体中检测出稳定的 QTL,才可能对作物育种具有实用价值.因此有关大豆产量 QTL 定位还有待于在更多的群体作进一步研究证实.

本研究以吉林省主推的大豆品种吉育 50 和吉农 18 杂交后获得的 F_2 分离群体为试验材料,采用 QTL IciMapping v2.2 软件对大豆单株荚数、单株粒质量、单株粒数和百粒质量 4 个主要产量性状进行 QTL 定位,并寻找在 2 年间稳定存在的 QTL 位点,进一步发掘与大豆产量紧密连锁的分子标记,为大豆

<http://xuebao.scau.edu.cn>

分子辅助育种提供理论基础.

1 材料与方法

1.1 材料

1.1.1 试验材料 以高蛋白大豆品种“吉育 50”为母本、高油大豆品种“吉农 18”为父本,于 2005 年夏季在吉林农业大学生物中心试验田中进行杂交,2008 年 5 月将 F_2 收获的 236 个单株形成 $F_{2:3}$ 家系.试验采用随机区组设计,3 次重复,单行区,行长 5 m.田间管理与大田生产相同,收获时每行取 10 株进行室内考种,调查单株荚数、单株粒数、百粒质量和单株产量 4 个性状,取 3 次重复的平均值作为各产量性状值.

1.1.2 引物 参照 2003 年 Cregan 等^[12]发表的“大豆公共图谱”挑选引物,初步确定了 380 对 SSR 引物.挑选引物的标准为座位分布均匀且基因多样性程度高,并在大豆数据库 SoyBase (<http://soybase.agron.iastate.edu>)中查询 SSR 的引物序列,引物由北京三博远志生物技术有限公司合成.

1.2 方法

1.2.1 大豆总 DNA 的提取 2007 年在田间 F_2 单株上取等量大豆新鲜叶片,采用 SDS 法^[13]提取大豆基因组 DNA;2008 年以 $F_{2:3}$ 家系为材料,在每个家系中随机选择 15 株材料,取等量大豆新鲜叶片,混合后提取大豆基因组 DNA,同时提取其亲本基因组 DNA.

1.2.2 PCR 扩增及产物电泳检测 方法同姚丹等^[14],采用改进的 Sanguinetti 银染方法^[15]进行银染.

1.2.3 大豆主要产量性状的测定 2007—2008 年连续 2 年对大豆单株荚数、单株粒质量、单株粒数和百粒质量 4 个主要产量性状进行室内考种测定.相关农艺性状的调查标准参照《中国大豆品种志》^[16]来进行.单株荚数:单株实际结荚数,不计秕荚,以 10 株平均数表示;单株粒数:单株实际粒数,不计秕粒,以 10 株平均数表示;百粒质量:指从单株正常结实粒中选取大小均匀的 100 粒称质量,重复 2 次,计算 2 次平均值(g);单株粒质量:指单株全部正常结实粒数的质量,每株系考种 10 株,计算平均值(g).

1.2.4 连锁图谱的绘制和 QTL 分析 方法同姚丹等^[15].应用软件 Mapmaker Exp 3.0 进行图谱的构建^[17].利用“Group”命令进行标记间的连锁分析和分组,连锁标记数 < 8 的使用“Compare”命令进行排序,连锁标记数 ≥ 8 的使用“Ripple”命令进行排序^[18-19],错误检测水平设为 1%,利用 Rosambi 函数将重组率转化为遗传图距.

采用 QTL IciMapping v2.2 软件,联合 2 年的分

子标记数据和表型数据,对 F₂ 及其衍生群体的单株荚数、单株粒质量、单株粒数和百粒质量 4 个主要产量性状进行完备区间作图,Step = 1.0 cM, PIN = 0.5, POU = 0.1,取 LOD = 2.5 为阈值,对 QTL 进行定位和效应估算^[20].

2 结果与分析

2.1 大豆主要产量性状在 F₂ 分离群体中的表现

对 F₂ 群体及其亲本的单株粒数、单株粒质量、

单株荚数和百粒质量 4 个主要产量性状进行室内考察和分析,结果(表 1)显示,以上各性状在 2 个亲本间差异很大,4 个性状均具有较大的遗传力,主要产量性状频率分布和偏度、峰度检验表明,单株粒数、单株粒质量、单株荚数和百粒质量等 4 个产量性状指标均呈正态分布,具有较小偏度值. 各农艺性状的峰度均较平坦,为低阔峰. 综合以上分析指标,F₂ 群体主要产量性状均表现为正态分布且具有广泛的分布频率,呈典型的数量遗传模式.

表 1 大豆主要产量性状在亲本及 F₂ 群体中的分布
Tab.1 Distribution of main yield traits of soybean in parents and F₂

性状	亲本		F ₂				
	吉育 50	吉农 18	平均值 ± 标准差	最大值	最小值	偏度	峰度
单株粒数	207.69	171.89	187.38 ± 1.09	514.00	29.00	1.21	1.91
百粒质量/g	18.66	13.88	17.72 ± 1.28	23.34	11.15	0.07	0.94
单株荚数	82.50	74.10	79.81 ± 3.01	212.00	10.00	1.12	1.72
单株粒质量/g	36.84	24.11	32.96 ± 14.63	105.21	4.90	1.56	3.20

2.2 大豆遗传图谱的构建

本研究采用 380 对 SSR 引物在父母本间进行多态性引物筛选,其中有 118 对引物在亲本 DNA 间表现出较好的多态性,多态率为 31.05%,再利用在父母本间表现多态性的 118 对 SSR 引物在 F₂ 分离群体的 236 个单株上进行 PCR 扩增,经 80 g · L⁻¹变性聚丙烯酰胺凝胶电泳检测后统计谱带信息. 利用 Mapmaker Exp 3.0 软件,调出数据文件,重组率 ≤ 0.50,推测可能的连锁群,以含有 2 个或 2 个以上标记的一组为 1 个连锁群,最终将 102 个 SSR 标记划分到 25 个连锁遗传群中,其中 16 个 SSR 标记未被整合进连锁群中,最终构建了一张包含 102 个标记的大豆 SSR 连锁遗传图谱(图 1).

2.3 大豆主要产量性状 QTL 定位及分析

2.3.1 加性效应(ICIM-ADD) QTL 检测结果 利用完备区间作图法,以 LOD = 2.5 为阈值,连续 2 年对大豆单株粒数、单株荚数、单株粒质量和百粒质量 4 个主要产量性状进行一维扫描(ICIM-ADD)时,在 4 个连锁遗传群上共检测到 19 个具有明显加性效应的 QTLs,其中主效 QTLs 15 个(表 2).

2 年间共检测到与大豆单株粒数相关的 QTLs 4 个,分布于 4(C2)、12(G)和 17(M)3 个连锁群上,LOD 值为 2.60 ~ 3.90,表型变异率为 3.68% ~ 38.99%. 其中在 12(G)连锁群 Sat594 ~ Satt199 间检测到 1 个稳定存在 QTL,即 *qNSPP-12-1*.

检测到与大豆百粒质量相关的 QTLs 共 2 个,分布于 6(A1)和 12(G)连锁群上,LOD 值为 2.71 和

2.91,其解释的表型变异率分别为 9.81% 和 8.76%. 2007 年在 4(C2)和 12(G)连锁群上各检测到 1 个与大豆单株荚数相关的主效 QTLs,其表型变异率分别为 43.62% 和 41.46%. 其中 2007 年在 12(G)连锁群 Satt594 ~ Satt199 标记区间检测到的 *qNPPP-12-1* 与百粒质量检测到的 *qHSW-12-1* (2007 年)和单株粒数检测到的 *qNSPP-12-1* (2007 年) QTLs,所在标记区间位点相差不超过 5.0 cM.

2 年间检测到与大豆单株粒质量相关的 QTLs 共 11 个,分布于 4(C2)、12(G)和 17(M)3 个连锁群上,LOD 值为 2.76 ~ 8.51,表型变异率为 4.27% ~ 30.92%. 其中 2007 年检测到的 6 个 QTLs,即 *qSW-PP-12-1*、*qSWPP-12-2*、*qSWPP-12-3*、*qSWPP-12-4*、*qSWPP-12-5* 和 *qSWPP-12-6*,在 12(G)连锁群上表现为明显成簇分布;在 12(G)连锁群上检测到 2 个 2 年间稳定存在的 QTLs 位点:*qSWPP-12-1* (2007、2008 年)和 *qSWPP-12-2* (2007、2008 年);另外,研究还发现 2007 年在 4(C2)连锁群 Satt640 ~ Sat_246 标记区间检测到的 *qSWPP-4-1* 位点与单株粒数检测到的 *qNSPP-4-1* 和单株荚数检测到的 *qNPPP-4-1* 位点,各标记距离相差均不超过 5.0 cM.

2.3.2 上位性效应(ICIM-EPI) QTL 检测结果 利用完备区间作图法,以 LOD = 2.5 为阈值,对大豆单株粒数、单株荚数、百粒质量和单株粒质量 4 个主要产量性状进行二维扫描(ICIM-EPI)分析时,共检测到 4 对具有明显上位性互作的 QTLs,分布于 3 个连锁遗传群(表 3).

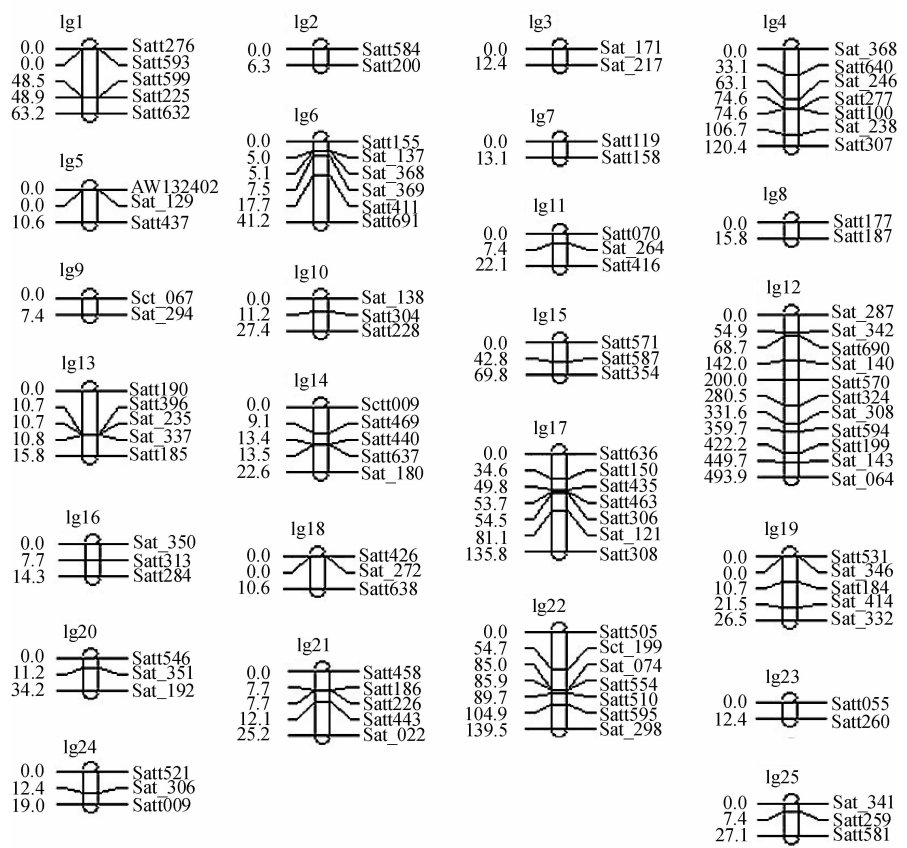


图 1 SSR 标记的大豆分子遗传图谱

Fig. 1 Soybean molecular genetic map based on SSR marker

表 2 完备区间作图法一维扫描 (ICIM-ADD) 检测到的大豆主要产量性状 QTLs¹⁾

Tab. 2 QTLs of soybean main yield traits detected by ICIM-ADD method

性状	年份	连锁群	QTL	标记区间	QTL 位置 (前/后)/cM	LOD 值	加性 效应	表型 变异率/%
单株粒数	2007	4(C2)	<i>qNSPP-4-1</i>	Satt640 ~ Sat_246	18. 9/11. 1	3. 90	62. 75	35. 13
		12(G)	<i>qNSPP-12-1</i>	Satt594 ~ Satt199	27. 3/35. 2	3. 41	- 63. 46	38. 99
	2008	12(G)	<i>qNSPP-12-1</i>	Satt594 ~ Satt199	39. 3/23. 2	3. 16	11. 60	38. 44
		17(M)	<i>qNSPP-17-1</i>	Satt306 ~ Sat_121	12. 5/14. 1	2. 60	1. 95	3. 68
百粒质量	2007	12(G)	<i>qHSW-12-1</i>	Satt594 ~ Satt199	29. 5/33. 0	2. 71	- 1. 28	9. 81
	2008	6(A1)	<i>qHSW-6-1</i>	Satt411 ~ Satt591	23. 3/0. 2	2. 91	- 4. 68	8. 76
单株荚数	2007	4(C2)	<i>qNPPP-4-1</i>	Satt640 ~ Sat_246	22. 0/20. 8	5. 38	49. 63	43. 62
		12(G)	<i>qNPPP-12-1</i>	Satt594 ~ Satt199	25. 0/37. 2	3. 90	- 31. 22	41. 46
单株粒质量	2007	4(C2)	<i>qSWPP-4-1</i>	Satt640 ~ Sat_246	18. 9/11. 1	8. 51	14. 74	29. 21
		12(G)	<i>qSWPP-12-1</i>	Satt690 ~ Sat_140	47. 3/26. 0	6. 60	14. 63	29. 37
			<i>qSWPP-12-2</i>	Sat_140 ~ Satt570	18. 0/40. 0	3. 82	10. 96	13. 69
			<i>qSWPP-12-3</i>	Satt570 ~ Satt324	28. 0/52. 5	5. 76	- 15. 73	30. 92
			<i>qSWPP-12-4</i>	Satt324 ~ Sat_308	22. 5/28. 6	3. 57	11. 45	14. 42
			<i>qSWPP-12-5</i>	Sat_308 ~ Satt594	17. 4/10. 7	4. 84	- 16. 55	18. 98
			<i>qSWPP-12-3</i>	Satt570 ~ Satt324	21. 3/41. 2	6. 83	- 16. 40	26. 02
			<i>qSWPP-12-7</i>	Sat_143 ~ Sat_064	23. 3/20. 9	4. 78	14. 51	25. 25
	2008	12(G)	<i>qSWPP-12-1</i>	Satt690 ~ Sat_140	52. 3/21. 0	5. 28	- 12. 93	23. 62
			<i>qSWPP-12-2</i>	Sat_140 ~ Satt570	20. 0/38. 0	5. 08	- 12. 52	20. 77
		17(M)	<i>qSWPP-17-1</i>	Satt306 ~ Sat_121	12. 5/14. 1	2. 76	- 0. 28	4. 27

1) 连锁群括号中的大写字母表示公共遗传图谱中的连锁群编号;QTL 位置中“前”表示距标记区间中第 1 个标记的距离,“后”表示距标记区间中第 2 个标记的距离;QTL 命名采用美国大豆遗传协会 2004 年新制定的 QTL 命名规则^[21].

2007 年在 4(C2)和 12(G)2 个连锁群间共检测到 3 对影响大豆单株粒质量的上位性 QTL 互作,其 LODAA(仅度量上位性引起的变异)值在 6.80 ~ 8.53 之间,可解释的表型变异在 17.56% ~ 22.83%

之间.2008 年在 12(G)和 17(M)连锁群间共检测到 1 对影响大豆单株粒数的上位性 QTL 互作,其 LODAA 值为 4.11,表型变异率为 12.03%.

表 3 完备区间作图法二维扫描(ICIM-EPI)检测到的大豆主要产量性状上位性互作 QTLs
Tab.3 Epistatic interacting QTLs of soybean main yield traits detected by ICIM-EPI method

性状	年份	QTL1	标记区间	QTL2	标记区间	LODAA 值	表型 变异率%
单株粒质量	2007	<i>qSWPP-4-1</i>	Satt640 ~ Sat_246	<i>qSWPP-12-1</i>	Satt690 ~ Sat_140	8.53	22.83
		<i>qSWPP-4-1</i>	Satt640 ~ Sat_246	<i>qSWPP-12-3</i>	Satt570 ~ Satt324	6.80	17.56
		<i>qSWPP-4-1</i>	Satt640 ~ Sat_246	<i>qSWPP-12-3</i>	Satt570 ~ Satt324	7.77	18.91
单株粒数	2008	<i>qNSPP-12-1</i>	Satt594 ~ Satt199	<i>qNSPP-17-1</i>	Satt306 ~ Sat_121	4.11	12.03

2.4 大豆主要产量性状遗传相关性分析

通过对大豆单株荚数、单株粒数、百粒质量和单株粒质量 4 个主要产量性状进行相关性分析(表 4),可以看出,4 个主要产量性状均呈极显著正相关,其中单株粒数与单株粒质量的相关系数最高为 0.968,其次是单株荚数与单株粒数的相关系数为 0.957,单株荚数与单株粒质量相关系数为 0.939,相关系数最低的为百粒质量与单株荚数、单株粒数,其相关系数分别为 0.220 和 0.244.分析结果表明与 4 个主要产量性状相关的基因可能存在 QTLs 簇,且紧密连锁,这一结果与本研究初步定位结果基本吻合.

表 4 大豆主要产量性状的 Pearson 相关分析¹⁾
Tab.4 The Pearson correlation analysis of soybean main yield traits

性状	项目	单株荚数	单株粒数	百粒质量
单株粒数	<i>r</i>	0.957 **		
	<i>P</i>	0.000		
	<i>N</i>	0.190		
百粒质量	<i>r</i>	0.220 **	0.224 **	
	<i>P</i>	0.002	0.001	
	<i>N</i>	0.190	0.190	
单株粒质量	<i>r</i>	0.939 **	0.968 **	0.384 **
	<i>P</i>	0.000	0.000	0.000
	<i>N</i>	0.190	0.190	0.190

1)“**”表示相关达 0.01 的极显著水平.

3 讨论与结论

作物相关性状 QTL 的集中分布是一种普遍现象,有不少 QTL 可能具有多效性.不同性状的相关性被认为是基因连锁或一因多效的主要原因,QTL 分析结果则表明相关性状 QTL 常常存在于相同的染色

体区段上.本研究利用完备区间作图法在 F₂ 及其衍生群体中共检测出与 4 个主要农艺性状相关的 QTL 位点 19 个,这些位点大多集中于 C2 及 G 连锁群上,这与吴晓雷等^[22]2001 年发现的“与产量密切相关的重要农艺性状的 QTL 位点集中分布在 C2 和 N 等连锁群的特定区域”的结果基本一致.从定位结果看,相关性状的 QTLs 大多聚集在染色体的相近或相同区域内,具有相关功能的基因成簇分布的现象在植物中是普遍存在的.例如,本研究发现控制单株粒质量的基因在 G 连锁群中存在明显簇集现象;2007 年在 12(G)连锁群 Satt594 ~ Satt199 标记区间检测到的单株荚数 *qNPPP-12-1* 位点与百粒质量检测到的 *qHSW-12-1* 和单株粒数检测到的 *qNSPP-12-1* 位点也表现较为明显的簇集现象,且标记区间位点相差不超过 5.0 cM.这一研究结果与郭龙彪等^[23]2002 年在水稻中检测到与产量相关的抽穗期、有效穗、穗长、株高、结实率等 5 个 QTLs 位于同一区域的结论相吻合.这些功能相关的基因成簇分布于同一基因组区域,并处在同一染色质环境中,可以解释为功能相关的基因表达都集中在个体发育中的某个时期,可能与发育阶段密切相关.

与公共遗传图谱(GmComposite 2003)比较,本研究中定位的结果与大豆数据库 SoyBase(<http://soybase.agron.iastate.edu>)已定位的结果具有较好的吻合性.例如,本研究在 4(C2)和 12(G)连锁群中检测到 3 个与大豆单株粒质量相关的 QTLs,即 *qSWPP-4-1*、*qSWPP-12-7* 和 *qSWPP-12-3*,与 SoyBase 库 C2 连锁群中 *Sdwt2-2*、G 连锁群中 *Sdwt11-4* 和 *Sdwt4-2* 比较,距离第 1 个引物的距离相差均不超过 5.0 cM,因此,研究初步认为这 3 个 QTLs 与 SoyBase 库中的 QTLs 可能是相同的 QTLs.另外,研究还通过与 SoyBase 库相关 QTL 信息的比对,在 12(G)连锁群 Sat_308 ~ <http://xuebao.scau.edu.cn>

Satt594 标记区间初步确定了 1 个新的大豆单株粒质量 QTL, 即 *qSWPP-12-5*。

由于存在基因型 $\times$ 基因型和基因型 $\times$ 环境互作, 对 QTL 研究最为困难的是在不同的遗传背景和不同的环境条件下找到最稳定的 QTL。大多数 QTL 受环境影响较大, 不同的环境下 QTL 定位的结果不尽一致^[24]。Tanksley 等^[25]认为相当部分 QTL, 特别是主效 QTL 在不同的环境中容易被检测到。然而本研究发现大部分产量相关性状, 即使是主效 QTL 也并未在 2 年间相同标记区间被定位, 说明环境对 QTL 定位有较大的影响。因此, 进一步扩大构建不同类型大豆遗传群体, 在不同世代、不同生态环境下探讨 QTL 定位结果对大豆遗传育种研究具有重要意义。

致谢: 感谢吉林农业大学生物技术中心对本研究的支持和帮助!

参考文献:

- [1] MANSUR L M, ORF J H, CHASE K, et al. Genetic mapping of agronomic traits using recombinant inbred lines of soybean[J]. *Crop Sci*, 1996, 36(5):1327-1336.
- [2] CHUNG J, BABKA H L, GRAEF G L, et al. The seed protein, oil and yield QTL on soybean linkage group I[J]. *Crop Sci*, 2003, 43(3):1053-1067.
- [3] HNETHKOVSKY H, CHANG S J C, DOUBLER T W, et al. Genetic mapping of loci underlying field resistance to soybean sudden death syndrome (SDS) [J]. *Crop Sci*, 1996, 36(2):393-400.
- [4] SPECHT J E, CHASE K, MACRANDER M, et al. Soybean response to water[J]. *Crop Sci*, 2001, 41(2):493-509.
- [5] WANG D, GRAEF G L, PROCOPIUK A M, et al. Identification of putative QTL that underlie yield in interspecific soybean backcross populations [J]. *Theor Appl Genet*, 2004, 108:458-467.
- [6] 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.
- [7] 吴晓雷, 王永军, 贺超英, 等. 大豆重要农艺性状的 QTL 分析[J]. *遗传学报*, 2001, 28(10):947-955.
- [8] YUAN J, NJITI V N, MEKSEM K, et al. Quantitative trait loci in two soybean recombinant inbred line populations segregating for yield and disease resistance[J]. *Crop Sci*, 2002, 42(1):271-277.
- [9] REINPRECHT Y, POYSA V W, YU K F, et al. Seed and agronomic QTL in low linolenic acid, lipoxygenase free soybean (*Glycine max* L. Merr.) germplasm[J]. *Genome*, 2006, 49(12):1510-1527.
- [10] ZHANG W K, WANG Y J, LUO G Z, et al. QTL mapping of ten agronomic traits on the soybean (*Glycine max* L. Merr.) genetic map and their association with EST markers[J]. *Theor Appl Genet*, 2004, 108:1131-1139.
- [11] CONCIBIDO V C, VALLEE B L A, MELAIROD P, et al. Introgression of a quantitative trait locus for yield from *Glycine soja* into commercial soybean cultivars[J]. *Theor Appl Genet*, 2003, 106:575-582.
- [12] CREGAN P B, JARIVK T, BUSH A L, et al. An integrated genetic linkage map of the soybean genome[J]. *Crop Sci*, 1999, 39(5): 1464-1490.
- [13] 王关林, 方宏筠. 植物基因工程原理与技术[M]. 2 版. 北京: 科学出版社, 2002:742-744.
- [14] 姚丹, 王丕武, 张君. 等. 大豆脂肪含量遗传分析及 QTL 定位研究[J]. *华南农业大学学报*, 2012, 33(4): 438-443.
- [15] SANGUINETTI C J, DIAS NERO E, SIMPSON A J. Rapid silver staining and recovery of PCR products separated polyacrylamid gels[J]. *Biotechniques*, 1994, 17(5): 914-921.
- [16] 中国农业科学院作物科学研究所, 吉林省农业科学院大豆研究中心. 中国大豆品种志(1993—2004)[M]. 北京: 中国农业出版社, 2007.
- [17] 王建康. 数量性状基因的完备区间作图法[J]. *作物学报*, 2009, 35(2): 1-7.
- [18] SCHNEIDER K A, BROTHERS M E, KELLY J D. Marker-assisted selection to improve drought resistance in common bean[J]. *Crop Sci*, 1997, 37(1): 51-60.
- [19] 刘峰, 庄炳昌, 张劲松, 等. 大豆遗传图谱的构建和分析[J]. *遗传学报*, 2000, 27(11): 1018-1026.
- [20] ZHANG Luyan, LI Huihui, LI Zhonglai, et al. Interactions between markers can be caused by the dominance effect of quantitative trait loci [J]. *Genetics*, 2008, 180: 1177-1190.
- [21] MCCOUCH S R, CHO Y G, YANO M, et al. Report on QTL nomenclature[J]. *Rice Genet Newslett*, 1997, 14:11-13.
- [22] 吴晓雷, 王永军, 贺超英, 等. 大豆重要农艺性状的 QTL 分析[J]. *遗传学报*, 2001, 28(10): 947-955.
- [23] 郭龙彪, 罗利军, 邢永忠, 等. 水稻汕优 63 重组自交系重要农艺性状的 QTLs 和互作分析[J]. *农业生物技术学报*, 2002, 10(4): 327-333.
- [24] 宛煌嵩, 王珍, 肖英华, 等. 一张含有 227 个 SSR 标记的大豆遗传连锁图[J]. *分子植物育种*, 2005, 3(1):15-20.
- [25] TANKSLEY S D, NELSON J C. Advanced backcross QTL analysis: A method for the simultaneous discovery and transfer of valuable QTLs from unadapted germplasm into elite breeding lines[J]. *Theor Appl Genet*, 1996, 92(2): 191-203.

【责任编辑 周志红】