

绿豆基因组研究进展

赵 丹, 程须珍, 王丽侠, 王素华

(中国农业科学院作物科学研究所, 北京 100081)

摘要: 绿豆是亚洲国家重要的经济作物。绿豆基因组的研究工作已开展多年, 至今已经发布了 6 张遗传连锁图谱, 然而还未有一张图谱的连锁群数与绿豆 ($2n=2x=22$, $n=11$) 的染色体基数一致。近年来, 豆科植物比较基因组学的研究成果, 为绿豆遗传连锁图谱的发展提供了新的思路。通过将绿豆遗传连锁图与其他豆类连锁图比较发现, 绿豆与小豆、豇豆、普通菜豆、大豆、藊豆以及豆科模式植物一簇藜苜蓿的基因组间有不同程度的保守性, 其中尤以绿豆与普通菜豆基因组间共线性水平高。本文分别从绿豆遗传连锁图谱构建、比较基因组作图以及抗豆象基因定位等方面进行了综述, 以期对绿豆遗传研究工作者提供参考。

关键字: 绿豆; 基因组; 遗传连锁图; 抗豆象

Current Progress in Mungbean[*Vigna radiata* (L.) Wilczek] Genome Research

ZHAO Dan, CHENG Xu-zhen, WANG Li-xia, WANG Su-hua

(Institute of Crop Sciences, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081)

Abstract Mungbean [*Vigna radiata* (L.) Wilczek] ($2n=2x=22$) is an important legume crop in Asia. Studies on mungbean genome have been reported and six sets of genetic linkage maps have been developed but the number of linkage groups of each set of map is not agreeable with the number of chromosomes in mungbean genome. Comparative mapping revealed various levels of macrosynteny between genomes of mungbean and other legumes including azuki bean, cowpea, common bean, soybean, lablab and medicago truncatula, while the greatest conservation were observed between mungbean and common bean. Genes mapping for bruchids resistance also have been reported in mungbean recently. This paper gives an overview of construction of mungbean genetic linkage maps, comparative genome mapping and gene mapping for bruchids resistance to assist genome research and molecular breeding in mungbean.

Key words Mungbean; Genome; Linkage maps; Bruchid resistance

中国是绿豆 [*Vigna radiata* (L.) Wilczek] 的发源地之一, 拥有类型繁多的绿豆品种资源。由于其生育期短、适应性广, 且具有较好的固氮能力, 所以是种植业资源合理配置、倒茬轮作、间作套种、减灾救灾不可缺少的粮食作物及贫困地区农民致富的重要经济作物; 同时绿豆富含蛋白、中淀粉及低脂肪, 是理想的营养保健食品^[1]。绿豆还可产成多种食品如鲜食豆芽、中国生产的绿豆粉丝、绿豆粉皮、绿豆酒、绿豆糕等食

品, 在国际市场上备受青睐。近年来, 国际市场对绿豆的需求量和全世界绿豆的生产量均有所增加, 现今中国的绿豆年出口量在 20 万 ~ 30 万 t; 出口价格一般 400~ 500 美元^[2]。绿豆的社会经济价值不容忽视。然而, 与大宗作物如玉米、水稻相比, 国内外对绿豆的研究还相当滞后, 单产仍处于较低水平, 分子水平上的研究更显薄弱。本文将介绍国内外在绿豆基因组研究方面所取得的主要进展。

收稿日期: 2009-05-22

修回日期: 2009-12-08

基金项目: 国家食用豆产业技术体系建设 (nycytk-18); 国家自然科学基金 (30871565); 中央级科研院所社会公益研究专项 (082060302-14); 食用豆行业科技专项 (nyhyzx07-017)

作者简介: 赵丹, 在读硕士, 研究方向: 野生绿豆 ACC41 抗豆象基因精细定位。E-mail: zhaodan96069@ yahoo. com. cn

通讯作者: 程须珍, 研究员。E-mail: Chengxu@ caas. net. cn

1 绿豆基因组的结构特点

绿豆 ($2n=2x=22$)是豆科 (Leguminosae)蝶形花亚科 (Papilionaceae)菜豆族 (Phaseoleae)豇豆属 (*Vigna*)植物中的一个种,英文名 mungbean, 绿豆的基因组较小,约为 0.60pg/1C (579Mbp)^[3],这与普通菜豆、豇豆、豌豆等豆科植物基因组大小相近:均小于 1000Mbp,也与豆科模式植物百脉根和蒺藜苜蓿基因组(均约为 470Mbp)大小相近^[4]。绿豆基因组的结构属于真核生物基因组基本结构模式中的中间类型,它的基因组不大,重复顺序部分所占比例也较小,约 35%。但它的结构形式是多样的,几乎包括了从典型的短周期镶嵌型(较短单拷贝顺序和较短重复顺序构成相嵌单位)到典型的长周期镶嵌型(DNA 重复顺序和单拷贝顺序都以很长的区段存在并相连接)之间的一切中间形式,呈现一种在两种基本基因组模式间连续分布的状态^[5]。

2 绿豆基因组作图

2.1 绿豆遗传连锁图谱的构建进展

遗传连锁图谱的构建是绿豆基因组研究的重要环节,是基因定位与克隆乃至基因组结构与功能研究的基础。然而,绿豆属于杂粮作物,它的基础研究

与大作物相比非常薄弱,在大作物大力发展分子标记辅助育种的今天,绿豆仍面临引物匮乏、已知基础序列少等诸多问题。虽然近几年随着分子标记技术的发展,绿豆遗传连锁图谱的构建工作有所发展,但进展缓慢。表 1 是近年来构建的 5 张绿豆遗传连锁图谱。

2.2 绿豆连锁图与其他豆科作物连锁图的比较

比较基因组研究主要是利用相同的 DNA 分子标记在相关物种之间进行遗传或物理作图,比较这些标记在不同物种基因组中的分布特点,揭示染色体或染色体片段上同线性和共线性的存在,并据此对不同物种的基因组结构和起源进化历程进行精细分析。比较基因组研究的分子基础就是在物种间 DNA 序列尤其是编码序列的保守性。植物比较基因组学研究是从比较不同植物的遗传图谱开始的。1988 年,在建立番茄和马铃薯的遗传图谱时发现两者的图谱很相似。此后,由于有些作物缺少探针,在借用其他作物的探针对其进行作图时发现共线性现象 (colinearity) (即不同作物间基因和基因顺序具有保守性)普遍存在。此后,比较基因组学逐渐成为结构基因组学 (structural genomics) 中的重点研究领域^[11]。

表 1 已构建的绿豆遗传连锁图谱
Table 1 Genetic linkage maps of mungbean

标记类型 Marker	作图群体 Mapping population	群体大小 Number of population	图谱密度 Density of genetic linkage map	参考文献 Reference
RFLP	绿豆栽培种 VC3890/抗豆象野生绿豆 TC1966 杂交 F ₂ 群体	—	171 个标记,图谱长度为 1570 cM,标记间的平均距离为 9.0 cM,分 14 个连锁群。	Menard-Hau et al 等 (1993) ^[6]
RFLP RAPD	感豆象栽培绿豆 Berken/抗豆象野生绿豆 ACC41 杂交 F ₂ (群体 I) 和 Berken/wild ACC41 杂交 F ₇ 重组自交系 (群体 II)	67	群体 I: 110 个标记,图谱长度 758.3 cM,分 12 个连锁群;群体 II: 115 个标记,总图距为 691.7 cM,分 12 个连锁群。	Lambert 等 (2000) ^[7]
RFLP	感豆象栽培绿豆 Berken/抗豆象野生绿豆 ACC41 杂交 F ₈ 重组自交系群体	80	255 个标记,图谱长度为 737.9 cM,标记间的平均距离为 3.0 cM,标记间的最大距离 15.4 cM,分 13 个连锁群。	Humphrey 等 (2002) ^[8]
AFLP	抗豆象野生绿豆 TC1966 和 Pagasa 7 杂交 F ₉ 重组自交系群体	76	70 个标记,图谱长度为 655.5 cM,标记间的平均距离为 10.7 cM,分 9 个连锁群。	Sholihin 等 (2002) ^[9]
RAPD CAP AFLP	抗豆象野生绿豆 TC1966 和抗黄化嵌纹病毒栽培绿豆 NM 92 杂交 F ₁₂ 重组自交系群体	200	254 个标记,图谱长度 1514 cM,标记间平均距离为 6.0 cM,分 11 个连锁群。	Chen HM 等 (2007) ^[10]

豆科基因组比较研究最初主要以公用的 RFLP 标记作为图为基础着眼于同属或同族的亲缘关系较近的物种间的比较。绿豆也不例外, 由于缺少探针而大量利用其他豆科作物的探针, 例如: 利用普通菜豆、豇豆、藕豆及大豆的探针构建绿豆遗传连锁图谱, 这也为绿豆和其他豆科作物进行基因组比较(宏同线性研究)提供了条件^[12]。Menancio-Hautea 等^[13]对热带豆类的基因组比较后在绿豆与豇豆基因组的连锁群中发现了 10 处同源区域, 其中最长的 4 个保守片段位于豇豆的第 1、2、4、7 连锁群, 对应于绿豆的第 3、1、7、2 连锁群。保守片段内存在大量相同的标记, 标记顺序或伴有复杂的重排或严格保守, 例如: 豇豆第 1 连锁群与绿豆第 3 连锁群对应的同源片段内标记的顺序差别很大, 明显经过了复杂的重排; 而豇豆第 2 连锁群与绿豆第 1 连锁群包含的同源区段内标记的顺序则完全一致。将绿豆与小豆的连锁图进行比较, 显示两者也存在保守片段, 且保守区域内没有^[14]或很少^[15]发生重排。Isemura 等^[15]的研究认为绿豆连锁图谱中第 1、2、3、4、8 和第 11 连锁群分别与小豆连锁图谱中的第 1、4、10、8 和第 9 连锁群对应。而绿豆和普通菜豆间的基因组保守程度又较之绿豆与豇豆和小豆间的保守程度高。Boutin 等^[16]扩大比较的范围到豇豆属、菜豆属和大豆属, 比较后发现普通菜豆的基于 RFLP 标记的图谱和绿豆图谱有大范围的重叠, 显现其共线性的平均长度在 37 cM, 有个别的超过 100 cM。然而, 置换现象也大量存在, 例如: 一些绿豆的连锁群似乎嵌合了普通菜豆的几个连锁群上的片段。相比之下, 绿豆与大豆和普通菜豆与大豆之间的保守片段的长度则短的多和分散的多, 平均在 12~13 cM 之间, 并且存在大量的基因组重排现象。Lee 等^[17]以拟南芥作为桥梁物种重新评估了这些亚类基因组间的保守程度, 揭示了大豆染色体的部分同源片段与绿豆和菜豆的染色体具有比预想的范围要大得多的同线性。

Humphry 等^[8]将绿豆与藕豆 ($2n=24$) 基因组比较时发现: 绿豆和藕豆的基因组虽因染色体间重排而造成大量显著不同(基因组大小差异很大, 染色体基数也不同), 但两基因组间的基因共线性水平却相当高, 甚至高于绿豆和其他几个同属成员基因组间的共线性水平^[13], 并通过比较推测: 包括藕豆 13 号染色体在内的染色体重排是造成藕豆和绿豆染色体基数差异的重要原因。同时, 以

上结果也再一次证明: 各豆科物种间存在着普遍的共线性。

饲料物种蒺藜苜蓿和野生物种百脉根由于具有相对较短的传代时间和较小的基因组, 被用作豆科作物的模式物种^[4]。Choi 等^[18-19]以蒺藜苜蓿为重点比较对象, 利用大量来自豆科模式物种的 EST 序列信息所开发的穿梭标记(该穿梭标记建立在采用系统进化分析法对蒺藜苜蓿直系同源性测试比较的基础之上)对豆科宏同线性做了深入分析。他们设计了针对特定高保守外显子(这些外显子能够跨越潜在内含子)的 PCR 引物以实现利用这些引物在各物种间进行有效的 PCR 扩增, 同时也期望能够利用这些引物为跨物种基因连锁图谱的绘制开发出一系列单核苷酸多态标记^[20-21], 这些推想的直系同源标记已被定位在绿豆中。但蒺藜苜蓿和热带豆类包括绿豆之间的宏同线性关系更加复杂, 可供研究的信息也比较少, 用于蒺藜苜蓿和绿豆之间比较作图的 38 个标记中有 29 个(接近 76%)表明两者之间存在保守序列, 而其余的 9 个标记无同线性位点。同线性仅发生在亲缘关系比较近的 2 个物种间且遗传间距比较小的区域内, 此发现暗示了染色体的重排频率和种系分化时间的相关性。

3 基于绿豆遗传连锁图的绿豆抗豆象基因定位研究进展

作为重要的仓储害虫, 豆象一直危害着食用豆类的生产与发展。在任何种植或存储食用豆的地方, 豆象为害均有发生^[22]。为害绿豆的豆象主要有绿豆象(*Callosobruchus chinensis* L.)、四纹豆象(*Callosobruchus maculatus* F.)和鹰嘴豆象(*Callosobruchus analis* F.) 3 种, 其中绿豆象对生产与仓储的为害最严重^[23]。当前已鉴定出的抗豆象材料主要有野生种绿豆 TC1966(高抗)、ACC41(高抗)和栽培种绿豆 V2709(抗)、V2802(中抗) 4 种。其中 2 个野生材料 TC1966 和 ACC41 的抗豆象基因定位工作已有一定的基础。

最初, TC1966 的抗豆象基因(*Br*)定位在第 8 连锁群, 这一位点距离最近的 RFLP 标记 *sgA882* 和 *mgM151* 分别为 3.6 cM 和 6.5 cM^[22]。随后, Menancio-Hautea D. 等^[13]将该第 8 连锁群修订为第 9 连锁群。Kaga 等^[24]进一步将 *Br* 基因定位在一个约 0.7 cM 的更小片段内, 片段两端标记为 *Bng143* 和 *Bng110*, 其中 *Br* 基因距离标记 *Bng143*

仅 0.2dM。Chen等^[10]最近又利用 CAPs和 SCAR 标记对 *Br* 基因进行了定位,且从 RAPD 标记成功转化的 7 个 CAPs 标记与原 RAPD 标记相比显示出了与 *Br* 基因更紧密的连锁关系,这又是 *Br* 基因定位的一大进步。

ACC41 的抗豆象基因被定位于绿豆第 8~9 连锁群上^[25],与 RAPD 标记连锁,随后这些 RAPD 标记被转化成了更稳定的 SCAR 标记。值得注意的是与 TC1966 抗豆象基因连锁的 RFLP 标记 pR26^[22]与 ACC41 的抗豆象基因亦有连锁关系^[25],此探针又证明与饭豆的抗绿豆象基因也有连锁关系^[26]。Miyaki等^[27]根据 BAC 亚克隆发掘出的两个 STS 标记: STSbr1 和 STSbr2 也已证明与 ACC41 的抗豆象基因相连锁。利用 Berken/ACC41 杂交获得的 RIL 群体构建的绿豆遗传连锁图谱^[8],梅丽等^[28]结合室内接虫试验对其进行 QTL 分析,发现该 RIL 群体在 4 个环境条件下均能在第 9 连锁群的 pM213~VACS161 标记之间检测到 1 个稳定的抗绿豆象基因座,该 QTL 距离左翼标记 pM213 的距离为 4.0~8.0dM,可解释表型变异达 74.05%~79.27%,表明该基因座是一个对豆象抗性起重要作用且稳定表达的基因位点,是基因精细定位非常理想的目标。

4 讨论与展望

4.1 当前绿豆遗传连锁图构建中存在的问题及解决途径

(1)目前已构建的绿豆遗传连锁图的连锁群数目(9~13)大多与绿豆的染色体基数 11 不一致,这一点也许正反映了已构建连锁图标记位点太少或连锁区段存在高重组现象^[29]。

(2)目前已构建的绿豆遗传连锁图中所用标记大多为 RAPD 和 RFLP 标记,但 RAPD 标记不能区分杂合基因型和纯合基因型,且信息度低、重复性差;而 RFLP 克隆可表现基因组 DNA 多态性探针较为困难,且具有种属特异性,另外,实验操作较繁琐,检测周期长,所以今后连锁图谱的整合与加密应多依赖于 AFLP、SSR 等多种标记共同作图技术^[30-31]。

(3)用于构建绿豆遗传连锁图谱的群体大多偏小,大部分在 200 个以下。为构建高饱和的绿豆遗传连锁图谱,今后应发展基于更大的作图群体下建立起来的绿豆遗传连锁图谱,但由于分子标记操作较为复杂且所需费用昂贵,亦有必要研

究利用分子标记构建遗传连锁图谱所必需的最小样本数^[32]。

(4)已构建的绿豆遗传连锁图谱密度均偏低,且均匀性不好,给基因定位、克隆和分子辅助选择育种带来很多困难。所以,今后的研究可以继续完善已有的连锁图谱,使其更加饱和和精确。

(5)用于构建绿豆遗传连锁图谱的材料一致性较好,有利于信息的整合;且多用野生绿豆材料与栽培种杂交,有利于对野生材料进行深入研究,以拓宽栽培绿豆的遗传基础。

总之,绿豆遗传连锁图谱的发展趋势是高饱和化、实用化和通用化。高饱和化即增加图谱上标记的密度,高密度的遗传连锁图谱有助于基因定位、物理图谱的构建、基于图谱的基因克隆和精确分析数量性状基因;实用化即遗传连锁图谱可直接应用到育种工作中,利用遗传连锁图谱导入野生种的有益等位基因;通用化即遗传连锁图谱的信息可在种内甚至种间交流,而不局限于作图亲本^[32]。

4.2 豆科比较基因组学在绿豆的遗传研究和基因定位方面的应用与展望

豆科比较基因组学的研究结果表明豆科植物中亲缘关系较近的物种间染色体同线性是广泛存在的,这些豆科近缘物种间有相似的基因组成,且这些基因在染色体上具有相似的排列顺序,可以预期一个豆科物种中的全部或大部分基因都存在于其近缘物种中同源染色体片段的相关位置上,这对绿豆的遗传研究和基因定位具有启发意义。对控制数量性状和质量性状的基因进行比较,发现数量性状位点(QTL)和主基因常是相同或相似的^[33],如果已从一个物种中发现控制某性状的基因,那么它也可能是其他近缘物种中对应的 QTL 候选基因^[34],例如: Isemura等^[15]在小豆的第 1 连锁群上检测到一控制种子重量的 QTL(图 1),而在对小豆与绿豆和豇豆基因组比较时发现:小豆的第 1 连锁群与绿豆和豇豆的连锁群 ii 上分别对应存在保守片段,且保守片段内均已检测到控制种子重量的 QTL^[15-35],且从目标标记及周围标记的顺序在三者之间相似的情况来看,此片段很可能是 3 个物种中共有的保守片段,而该控制种子重量的 QTL 可能在 3 个物种中保守。同样,在小豆的第 9 连锁群与绿豆连锁群 i 上也检测到了对应的控制种子重量的 QTL。

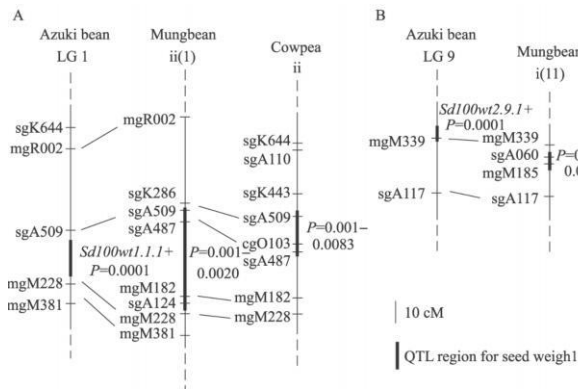


图 1 小豆、绿豆、豇豆 3 个物种内控制种子重量 QTL 的比较
Fig 1 Comparative QTL maps^[15] for seed weight in three cultivated *Vigna* species *V. angularis* (azuki bean), *V. radiata* (mungbean) and *V. unguiculata* (cowpea)

绿豆连锁图谱引自 Fatokun 等^[35] (罗马字母)和 Menancio-Hautea 等^[13] (阿拉伯数字); 豇豆连锁图谱引自 Fatokun 等^[35]; 绿豆

和豇豆内控制种子重量的 QTL 位点引自 Fatokun 等^[35]

Linkage groups of mungbean are after the maps of Fatokun et al^[35] (Roman numerals) and Menancio-Hautea et al^[13] (Arabic numerals). Linkage groups of cowpea are after the maps of Fatokun et al^[35]. The QTL regions for seed weight in mungbean and cowpea are after Fatokun et al^[35].

从一个种的表型突变体中鉴定出的候选基因还可以在其它物种中检测它对相关性状的效应。通过豆科比较基因组学研究,发现造成豆科物种间差异的遗传变化及其原因,可以鉴定出豆科每个种中每个基因的作用。概括起来,比较基因组学给我们提供了一个研究绿豆遗传演化和新基因发现的新方法。准确地说,这种方法使绿豆的等位基因变异拓宽了。

4.3 绿豆抗豆象基因定位的研究展望

基于已取得的抗豆象基因定位研究成果,下一步可进行不同抗豆象材料的抗性主效基因的精细定位、克隆、转化,并用于抗豆象育种的分子标记辅助选择,以期选育出抗豆象的绿豆新品种,从而解决豆象为害问题。此外,还可以对多个抗豆象材料配制杂交组合,结合抗性主效基因的定位工作对不同抗虫材料的抗豆象基因进行等位性鉴定,以期挖掘出更多的抗豆象基因,为发展多价抗虫品种奠定基础。

参考文献

- [1] 郑卓杰,王述民,宗绪晓,等. 中国食用豆类学[M]. 北京: 中国农业出版社, 1997: 141-163
- [2] 程须珍,王素华. 中国绿豆产业发展及科技应用[M]. 北京: 中国农业科技出版社, 2002: 3-8
- [3] Annamaganathan K, Earle E D. Nuclear DNA content of some im-

- portant plant species[J]. Plant Mol Bio Reporter, 1991, 9: 208-218
- [4] 赵金荣,王晓玲,白羊年. 豆科植物比较基因组学研究进展[C]//海南生物技术研究与发展研讨会论文集,海南省生物工程协会, 2006: 65-75
- [5] 沈建华. 高等植物基因组结构[J]. 遗传, 1982, 4(6): 38-40
- [6] Menancio-Hautea D, Kumar L, Danesh D, et al A genome map for mungbean [*Vigna radiata* (L.) Wilczek] based on DNA genetic markers (2n= 2x= 22) In: O'Brien JS (ed) Genetic maps 1992, A compilation of linkage and restriction maps of genetically studied organisms[J]. Cold Spring Harbor Laboratory Press Cold Spring Harbor, 1993, 6: 259-261
- [7] Lambides C J, Law N R, J G odwin I D. Two genetic linkage maps of mungbean using RFLP and RAPD markers[J]. Journal of Agriculture Resources, 2000, 51: 415-425
- [8] Humphry M E, Konduri V, Lambides C J et al Development of a mungbean [*Vigna radiata* (L.) Wilczek] RFLP linkage map and its comparison with lablab [*Lablab purpureus*] reveals a high level of colinearity between the two genomes[J]. Theor Appl Genet, 2002, 105: 160-166
- [9] Sholihin, Hautea D M. Molecuarmapping of drought resistance in mungbean [*Vigna radiata* (L.) Wilczek]: 1. Linkage map in mungbean using AFLP markers[J]. Journal Biotechnology Peranian, 2002, 7: 17-24
- [10] Chen H M, Liu C A, Kuo C G, et al Development of a molecular marker for a bruchid [*Callosobruchus chinensis* (L.)] resistance gene in mungbean[J]. Euphytica, 2007, 157: 113-122
- [11] 黎裕,王天宇,贾继增. 植物比较基因组学的研究进展[J]. 生物技术通报, 2000, 5: 11-14
- [12] Prakits Peerassak S Genome research in mungbean [*Vigna radiata* (L.) Wilczek] and blackgram [*V. mungo* (L.) Hopper] [J]. Science Asia, 2007, 33(s1): 69-74
- [13] Menancio-Hautea D, Fatokun C A, Kumar L, et al Comparative genome analysis of mungbean [*Vigna radiata* (L.) Wilczek] and cowpea [*V. unguiculata* (L.) Walpers] using RFLP mapping data [J]. Theor Appl Genet, 1993, 86: 797-810
- [14] Kaga A, Ishii T, Tsukimoto K, et al Comparative molecular mapping in Cereotropis species using an interspecific cross between azuki bean (*Vigna angularis*) and rice bean (*V. umbellata*) [J]. Theor Appl Genet, 2000, 100: 207-213
- [15] Isemura T, Kaga A, Konishi S, et al Genome dissection of traits related to domestication in azuki bean (*Vigna angularis*) and comparison with other warm-season Legumes [J]. Ann Bot, 2007, 100: 1053-1071
- [16] Boutin S R, Young N D, Olsen T C, et al Genome conservation among three legume genera detected with DNA markers [J]. Genome, 1995, 38: 928-937
- [17] Lee J M, Grant D, Vallejos C E, et al Genome organization in dicots *II Arabidopsis* as a bridging species to resolve genome duplication events among legumes [J]. Theor Appl Genet, 2001, 103: 765-773
- [18] Choi H K, Kim D, Uhm T, et al A sequence-based genetic map of *Medicago truncatula* and comparison of marker colinearity with *M. sativa* [J]. Genetics, 2004, 166: 1463-1502
- [19] Choi H K, Mun J H, Kim D J, et al Estimating genome conservation between crop and model legume species [J]. Proc Natl Acad Sci, 2004, 101: 15289-15294
- [20] 李小白,崔海瑞,张明龙. EST 分子标记开发及在比较基因组学中的应用 [J]. 生物多样性, 2006, 14(6): 541-547
- [21] 张祖新,张绍鹏,郑用珏. 基于比较基因组学的玉米 ESTs 定位方法 [J]. 遗传, 2006, 28(3): 339-344
- [22] Young N D, Kumar L, Menancio-Hautea D, et al RFLP mapping of a major bruchid resistance gene in mungbean [*Vigna radiata* (L.) Wilczek] [J]. Theor Appl Genet, 1992, 84: 839-844

- [23] 刘旭明, 金达生, 程须珍, 等. 绿豆种质资源抗豆象鉴定研究初报 [J]. 作物品种资源, 1998 2: 35-37
- [24] Kaga A, Ishimoto M. Genetic localization of a bruchid resistance gene and its relationship to insecticidal cyclopeptide alkaloids the viginic acids in mungbean [*Vigna radiata* (L.) Wilczek] [J]. Mol Gen Genet 1998, 258: 378-384
- [25] Inrie B C, Lambides C J. International consultation workshop on mungbean. Proceedings of the mungbean workshop [M]. Edited by Libas EM and Lopez KS, 1998: 135-140
- [26] Kaga A. Construction and application of linkage maps for azuki bean (*V. angularis*) [D]. Japan Kobe University, 1996
- [27] Miyaki M, Humphry M, Ma Z Y, et al. Construction of bacterial artificial chromosome libraries and their application in developing PCR-based markers closely linked to a major locus conditioning bruchid resistance in mungbean [*Vigna radiata* (L.) Wilczek] [J]. Theor Appl Genet 2004 110: 151-156
- [28] 梅丽, 王素华, 王丽侠, 等. 重组近交系群体定位绿豆抗绿豆象基因 [J]. 作物学报, 2007, 33(10): 1601-1605
- [29] 路铁刚, 丁毅. 分子遗传学 [M]. 北京: 高等教育出版社, 2008: 409-415
- [30] 许占友, 常汝镇, 邱丽娟, 等. 不同 DNA 分子标记技术信息量比较 [J]. 植物遗传资源科学, 2000, 1(4): 41-46
- [31] 赵君, 苏翻身, 于长虹, 等. 几种常用的分子标记技术的比较 [J]. 内蒙古农业科技, 1999 3: 32-33
- [32] 阮成江, 何祯祥, 钦佩. 中国植物遗传连锁图谱构建的研究进展 [J]. 西北植物学报, 2002 22(6): 1526-1536
- [33] Pereira M G, Lee M. Identification of genomic regions affecting plant height in sorghum and maize [J]. Theor Appl Genet 1995, 90: 380-388
- [34] Lagercrantz U. Comparative mapping in Arabidopsis and Brassica: fine scale genome collinearity and congruence of genes controlling flowering time [J]. Plant Journal 1996, 9: 13-20
- [35] Fatokun C A, Menancio-Hautea D I, Danesh D, et al. Evidence for orthologous seed weight genes in cowpea and mungbean based on RFLP mapping [J]. Genetics 1992, 132: 841-846

欢迎 订阅

《福建稻麦科技》是由福建省农业科学院水稻研究所主办的专业科技期刊, 主要报道稻麦作物科研论文、试验研究报告、有关文献综述及国内外科技动向。设有: 稻麦作物选育选配、繁殖制种、栽培技术、植物保护、综述、科技动态、信息快递、新闻集锦 (简讯) 等栏目。供农业科研、教学、科技推广及管理人员参考。

季刊, 大 16 开。每期 5.00 元, 全年 20.00 元。欲订者请直接汇款向《福建稻麦科技》编辑部订购。

地址: (350019) 福州市仓山城门连坂省农科院水稻研究所;

电话: 0591-83403242 E-mail: fjdmsk@sohu.com

《林业科学研究》是由中国林业科学研究院主办的营林科学综合性学术刊物。主要任务是及时反映以中国林科院为主的营林科学最新研究成果、学术论文和研究报告、科技动态和信息等, 促进国内外学术交流, 开展学术讨论, 繁荣林业科学, 更好地为我国林业建设服务。

双月刊, 国内外公开发行, 每期定价 15.00 元, 全年订价 90.00 元。全国各地邮局均可订阅, 邮发代号: 80-717 国外代号: BM 4102。

地址: (100091) 北京 1958 信箱 中国林科院《林业科学研究》编辑部;

电话: (010) 62889680 E-mail: lykxy@caf.ac.cn

《特种经济动植物》(原名《国外特种经济动植物》)是由中国农业科学院特产研究所主办的特种经济动植物专业性科技类期刊, 月刊, 大 16 开, 56 页。本刊奉行科学、适用、及时的办刊方针, 介绍特产农业、特色农业新技术、新成果、新品种、新经验、新信息, 努力办成广大读者买得起、读得懂、用得上的好刊物, 是您致富的好帮手。

邮发代号 12-183, 每期定价 4.00 元, 全年 48.00 元 (含

邮费)。

地址: (132109) 吉林省吉林市左家镇鹿鸣大街 15 号

电话: 0432-66513067; E-mail: tzjzlw@126.com

《特产研究》(原名《特产科学实验》)是中国农业科学院特产研究所和中国农学会特产学会联合主办的国家级农牧特产业学术刊物, 主要报道特种经济动植物的引种驯化、遗传育种、饲养繁殖、疾病防治、栽培管理、病虫害防治、产品加工、贮藏保鲜等方面的最新科研成果。包括畜牧学、兽医学、药理学、营养学、栽培学、中药学、分析化学等学科领域的研究报告、简报等方面的科研内容。

季刊, 大 16 开本, 80 页, 每期定价 5.00 元, 年价 20.00 元 (含邮费)。邮发代号: 12-182。

地址: (132109) 吉林省吉林市左家镇鹿鸣大街 15 号《特产研究》编辑部;

电话: 0432-66513069; E-mail: tcybj@126.com

《中国油料作物学报》是中国农科院油料作物研究所主办的油料作物专业学术刊物。公开发行, 双月刊。本刊为中国精品科技期刊、中国自然科学核心期刊、全国优秀农业专业期刊和湖北省优秀期刊。2009 年中国科学技术信息研究所公布的影响因子为 0.888 (核心版)。主要刊登油菜、大豆、花生、芝麻、向日葵、胡麻、红花和其它油料作物有关品种资源、遗传育种、耕作栽培、生理生化、综合加工利用以及品质测试技术方面的研究论文、应用技术、综述、评论等文稿。可供农业科研、教学和生产部门的技术人员参考。每期定价 25 元, 全年定价 150 元。国内邮发代号: 38-13 全国各地邮局均可订阅, 漏订者可直接向本刊编辑部订阅。

地址: (430062) 武汉市武昌徐东二路 2 号中国农科院油料作物研究所内

电话: 027-86813823 E-mail: ykbt@public.wh.hb.cn

网址: www.jouroilcrops.cn