

基于 Meta 分析的大豆倒伏性相关 QTL 的整合

张丽伟¹, 齐照明¹, 刘春燕^{1,2}, 胡国华², 陈庆山¹

(¹东北农业大学, 哈尔滨 150030; ²黑龙江省农垦科研育种中心, 哈尔滨 150090)

摘要:倒伏性是大豆高产、稳产和优质的主要限制因子之一,是控制大豆产量性状的主要数量性状。本研究共搜集整理了16年来已经报道的与大豆倒伏性有关的59个QTL,以2004年发布的大豆公共遗传连锁图谱 soymap2 为参考图谱,通过软件 BioMercator2.1 的映射,将大豆倒伏性 QTL 整合到 soymap2 上,并利用 Meta 进行元分析进而推断 QTL 位置,计算提取真正有效的 QTL 位点,共得到11个与大豆倒伏性相关的真实主效 QTL 位点,分布于5个连锁群上。本研究结果为倒伏性相关基因的精确定位和克隆奠定了基础。

关键词:大豆;倒伏性;QTL;Meta 分析

Meta-Analysis of Lodging QTLs

ZHANG Li-wei¹, QI Zhao-ming¹, LIU Chun-yan^{1,2}, HU Guo-hua², CHEN Qing-shan¹

(¹ Northeast Agricultural University, Harbin 150030; ² The Crop Research and Breeding Center of Land-Reclamation, Harbin 150090)

Abstract: Lodging is one of the main limit factors for high and stable yield and good quality of soybean, which is a quantitative trait. In this research, 59 QTLs, reported in recent 16 years related with soybean lodgingw collected. An integrated map of soybean lodging QTLs had been established with soymap2, published in 2004, as the reference map. With the software BioMercator2.1, QTLs were projected from their own maps to the reference map. A method of meta-analysis was used to narrow down the confidence interval, 11 consensus QTLs and their corresponding markers were obtained respectively. The results would be the basis for fine mapping and cloning of genes for lodging in soybean.

Key words: Soybean; Lodging; Meta analysis

大豆倒伏性状是影响大豆产量的重要性状。倒伏性属于数量性状,对外界环境比较敏感而且遗传力较高,是多个因素共同作用结果,因此研究大豆倒伏性状对于实现大豆高产优质目标有着重要意义。自从 QTL 技术出现以来^[1],复杂数量性状的定位已经成为许多研究的热点,黄中文等^[2]利用表型差异大的32个大豆品种和1个重组自交系(RIL)群体 NJRIKY 进行研究,在 A2、C2、D2 和 G 连锁群上共检测到7个与倒伏程度相关的 QTL,在 B1、C2 和 O 连锁群上共检测到7个与倒伏有关的 QTL,进而说明了抗倒伏性等位基因来自亲本科丰1号。周蓉

等^[3]利用来自中豆 29 × 中豆 32 的165个重组自交系 F₁₀ 进行2年田间试验,得到分布于 A2、C1、C2、D1a、F、G、I 和 L 连锁群上的倒伏性 QTL 位点,阐述了这些形态性状表型相关的遗传特性。

大豆重要农艺性状获得的 QTL 很多,但由不同实验所得到的 QTLs 位置差异很大,通常有很大的误差。按照 Lander^[4] 推导,LOD 值至少要达到 2.5 才可以用于 QTL 定位,而现在定位多采用初级群体进行 QTL 分析,定位精确度有限,没有高密度的遗传连锁图谱,很难找到与倒伏性相关 QTL 紧密连锁的分子标记,置信区间过大很难确定 QTL 准确位

收稿日期:2010-05-18 修回日期:2010-06-08

基金项目:国家高技术研究发展计划(863计划)项目(2006AA100104-3);黑龙江省博士后科学研究基金(LHK-04014);黑龙江省高校青年学术骨干支持计划项目(1152G007)

作者简介:张丽伟,在读硕士,研究方向为作物遗传育种。E-mail:zhangliwei_521@126.com

通讯作者:陈庆山,博士生导师。E-mail:qshchen@126.com;胡国华,研究员,博士生导师。E-mail:hugh757@vip.163.com

置,要将这些 QTL 直接应用于育种实践尚存在一定难度。因此需要筛选出遗传效应高、置信区间小的 QTL,而 Meta 元分析方法便是目前解决 QTL 定位的最佳方法。元分析可以对不同研究数据进行统计分析,在整合 QTL 的基础上,建立相应的数学模型,以优化大量的 QTL,缩小置信区间,提高 QTL 定位的准确度和有效性。

Chardon 等^[5]在整合 313 个玉米花期相关 QTL 信息的基础上,利用 BioMercator2.1^[6] 软件进行元分析,发现 62 个一致性 QTLs (consensus QTLs),其定位准确度是相应区域定位最准确的 QTL 的两倍。因此在已经报道的大豆倒伏性 QTL 基础上,对其一致性进行分析是很可行的。本研究根据 SoyBase 资料和相关文献报道,收集整理的大豆倒伏性相关的 QTL 位点共 59 个,利用 BioMercator2.1 软件将其他倒伏性 QTL 映射到参考图谱上,构建了一张大豆倒伏性 QTL 一致性图谱,并利用元分析方法获得真实 QTL。

1 材料与方法

1.1 大豆倒伏性 QTLs 信息的收集和整理

从大豆公共数据库 (<http://www.soybase.org>) 和已发表的文献中下载收集与大豆倒伏性相关的 QTL 信息,包括 QTL 名称、所在连锁群位置、临近标记、作图群体等。在特定环境下,利用特定群体对目标性状进行 QTL 分析视为次实验(取多实验数据平均值所做的 QTL 分析也视作次实验)。位置(最大可能的位置及其置信区间)和贡献率(解释表型变异的比)是衡量 QTL 的 2 个重要参数。如果 QTL 的置信区间未知,可以根据 Darvasi 等^[7,8] 的公式推断其 95% 置信区间:

$$C.I. = 530 / (N \times R^2) \quad (1)$$

$$C.I. = 163 / (N \times R^2) \quad (2)$$

其中 C.I. 指 QTLs 的置信区间 (confidence interval), N 代表作图群体的大小, R² 代表该 QTLs 的遗传贡献率。公式 (1) 适用于回交和 F₂ 群体,公式 (2) 适用于重组自交系群体。

1.2 大豆倒伏性 QTLs 信息的处理

将收集到的 QTL 根据其原始定位的信息将 QTL 定位的原始图谱和参考图谱 soymap2^[9] 加以比对。如果 QTL 任一末端标记为原始图谱和目标图谱中的共有标记,直接记下末端标记在目标图谱中的对应坐标(与左侧标记和右侧标记相对应的坐标分别称为左坐标和右坐标),不考虑 QTLs 在原始图

谱中的坐标;如果 QTL 末端标记为非共有标记,则记下 QTL 在原始图谱中坐标最临近的共有标记在目标图谱上的坐标(称为目标坐标),如果某个 QTL 的任一位置标记不能映射,则去掉该 QTL。如果某一 QTL 两端标记在原始图谱与 soymap2 参考图谱中有颠倒现象,在不影响 QTL 位置的前提下调换标记在原始图谱中的位置,否则舍弃该 QTL。

1.3 QTLs 的映射

齐序函数是指齐次函数的单调递增转换函数,计算方法参阅参考文献[10]。首先,将各个原始图谱与公共图谱上相关标记载入 BioMercator2.1 软件,构建图谱库;再将每个 QTL 按软件要求的 Mapname(图谱名称)、QTLname(QTL 名称)、Chromosome(QTL 所在连锁群)、Trait(性状)、LOD score(LOD 值)、R²(遗传贡献率)、SIM(是否为单因素分析)、Position(QTL 的位置)、From(QTL 置信区间一侧位置)和 To(QTL 置信区间另一侧位置)载入到每个原始图谱中,之后用 tools-Maps-projection 功能将每个原始图谱中的 QTL 映射到参考图谱 soymap2 上。其中有部分 QTLs 为单标记连锁的,没有相应的置信区间,则按照 Darvasi 所提出的公式计算其 95% 置信区间,并直接在公共图谱中标出相应的位置。

1.4 大豆倒伏性 QTLs 的 Meta 分析

由位于同一连锁群同一位点附近的与一个性状相关的多个独立存在的 QTL 通过数学计算,由 AIC 值 (kaike information criterion) 最小模型对应的为最优 QTL,即真实 QTL。每一个模型都是按照最大似然函数比通过高斯定理给出在连锁群上最大可能排列的位置,推导公式参考 Goffinet 等^[11]。在模型中,真实 QTL 的位置取决于每个 QTL 在连锁群上分布的平均值,其方差 $\text{var}(QTL) = 1 / \sum (1 / \sigma_i^2)$, 式中 σ_i^2 为染色体上每一个 QTL 位置方差,真实 QTL 95% 的置信区间 $C.I. = 3.92 \times \text{var}(QTL)^{1/2}$ 。AIC 值取决于每个模型的模拟过程。当 AIC 值较小时, QTL 模型比较接近真实 QTL。

2 结果与分析

2.1 大豆倒伏性 QTLs 信息的收集与整理

本研究从报道的文献中共找到 59 个倒伏性 QTL 定位信息与公共图谱有共有标记,定位这些 QTL 的群体为国内外的主栽品种,但这些 QTL 在各自的连锁图谱中分布都比较分散(表 1)。

2.2 QTL 的映射整合

通过映射,在 B1 和 G 连锁群各发现 1 个 QTL 簇,在 C2 和 F 连锁群分别发现 2 个 QTL 簇,在 L 连锁群发现 5 个 QTL 簇(图 1)。其中 B1 和 C2 连锁

群的 QTL 簇均包含 4 个 QTL,G 和 L 连锁群 QTL 簇均包含 3 个 QTL,C2、E 和 B2 连锁群的 QTL 簇均包含 4 个 QTL,I 连锁群的 QTL 簇包含 7 个 QTL。

表 1 大豆倒伏性 QTL 信息

Table 1 Information of lodging QTLs in soybean

QTL 个数 No. of QTLs	亲本 Parents	群体大小 Population size	分析方法 Analysis Methods	群体类型 Population type	参考文献 Reference
4	科丰 1 号 × 南农 1138 - 2	184	CIM	RIL	[2]
6	中豆 29 × 中豆 32	165	CIM	RIL	[3]
6	晋豆 23 × 灰布支黑豆	257	SSMD	RIL	[12]
7	Pis × Beeson/Kenwood/Lawrence	236	CIM	RIL	[13]
1	<i>G. max</i> × <i>G. soja</i>	120	CIM	RIL	[12]
4	Essex × Forrest	100	CIM	RIL	[14]
1	Kefeng 1 × Nannong 1138 - 2	206	CIM	RIL	[15]
1	Essex × Forrest	100	CIM	RIL	[16]
1	<i>G. max</i> IA2008 × <i>G. soja</i> PI468916	468	CIM	BC ₂ F ₄	[17]
8	PI 416937 × Young	120	ANOVA	F ₄	[18]
5	Minsoy × Noir 1	240	IM	RIL	[19]
2	Areher × Minsoy	233	IM	RIL	[20]
5	Minsoy × Noir 1	236	ANOVA	RIL	[20]
1	-	177	ANOVA	F ₄ :6	[21]
2	Noir 1 × Minsoy	284	ANOVA	RIL	[22]
1	BSR 101 × LG82 - 8379	167	ANOVA	F ₅	[23]
1	IA2008 × PI 468916	468	MNTECRLO	BC ₂ F ₄	[24]
2	Coker 237 × PI 97100	111	ANOVA	F ₂	[25]
1	-	248	BSA	RIL	[25]
Total: 59					

IM: 区间作图法 Interval mapping; CIM: 复合区间作图法 Composite interval mapping

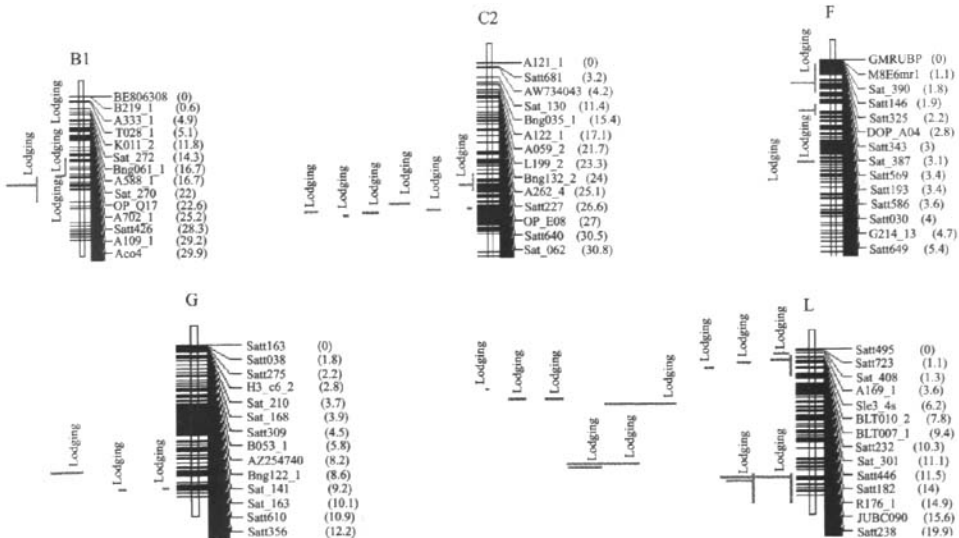


图 1 倒伏性 QTLs 的整合
Fig. 1 Integrate map of Lodging QTLs

2.3 QTLs 的 Meta 分析

利用 BioMercator 2.1 软件中 tools-Meta-analysis

对 11 个 QTL 簇进行分析。由于分析模型不同,以每次 Meta 分析中 AIC 值最小,确定 1 个通用 QTL。

本试验最终得到 11 个通用 QTL (表 2)。

通过对倒伏性 QTL 的 Meta 分析, B1 连锁群的通用 QTL 由 4 个 QTL 分析得到, 覆盖范围为 66.97 ~ 80.49cM, 该通用 QTL 的平均遗传贡献率为 8.36%。C2 连锁群的第 1 个通用 QTL 由 4 个 QTL 分析得到, 覆盖范围为 110.63 ~ 113.4cM。第 2 个通用 QTL 由 4 个 QTL 分析得到, 覆盖范围为 112.71 ~ 115.49cM。F 连锁群的第 1 个通用 QTL 由 2 个 QTL 分析得到, 覆盖范围为 3.5 ~ 26.6cM, 第 2 个通用 QTL 也由 2 个 QTL 分析得到, 覆盖范围为 34.9 ~ 43.7cM。G 连锁

群的通用 QTL 由 3 个 QTL 分析得到, 覆盖范围为 108.47 ~ 110.2cM。L 连锁群的第 1 个通用 QTL 由 3 个 QTL 分析得到, 覆盖范围为 2.29 ~ 5.84cM。第 2 个通用 QTL 由 3 个 QTL 分析得到, 覆盖范围为 8.32 ~ 12.14cM。第 3 个通用 QTL 由 2 个 QTL 分析得到, 覆盖范围为 30.66 ~ 33.78cM。第 4 个通用 QTL 由 3 个 QTL 分析得到, 覆盖范围为 36.77 ~ 39.55cM。第 5 个通用 QTL 由 2 个 QTL 分析得到, 覆盖范围为 93.18 ~ 110.2cM。这些 QTL 为真实主效的 QTL 位点, 可用于分子辅助育种和基因挖掘。

表 2 大豆倒伏性的 Meta 分析结果

Table 2 Meta-analysis Results of Lodging QTLs in soybean

连锁群 LG	AIC 值 AIC value	通用 QTL 位置 (cM) MQTL position	置信区间 (95%) C. I.	图距 (cM) Mapdistance	左标记 L-marker	左标记坐标 (cM) L-marker coordinate	通用 QTL 距左标 记距离 (cM) Distance of MQTL to L-marker	右标记 R-marker	右标记坐标 (cM) R-marker ordinate	通用 QTL 距右标 记距离 (cM) Distance of MQTL to R-marker
B1	28.82	73.73	66.97 ~ 80.49	13.52	BLT043-1	66.77	6.96	Satt332	80.89	7.1
C2	29.46	112.02	110.63 ~ 113.4	2.77	Bng164-1	110.14	1.88	Satt319	113.42	1.4
C2	29.46	114.1	112.71 ~ 115.49	2.78	Satt289	112.35	1.75	A397_1	116.72	2.616
F	24.04	17.5	3.5 ~ 26.6	23.1	Satt193	3.42	14.08	Satt659	26.71	9.21
F	24.04	38.9	34.9 ~ 43.7	8.8	Satt160	33.19	5.715	Satt516	44.42	5.52
G	9.99	109.86	108.47 ~ 110.2	1.73	Sat_372	107.75	2.11	L120_1	110.45	0.59
L	26.02	4.06	2.29 ~ 5.84	3.55	Sat_408	1.31	2.747	Sle3_4s	6.19	2.131
L	26.02	10.23	8.32 ~ 12.14	3.82	BLT010_2	7.85	3.82	Satt182	14.03	3.797
L	23.53	32.22	30.66 ~ 33.78	3.12	Satt398	30.58	1.693	G214_1	34.14	1.92
L	23.53	38.16	36.77 ~ 39.55	2.78	A023_1	36.7	1.46	Satt462	41.00	2.842
L	13.09	101.7	93.18 ~ 110.22	17.04	Satt664	92.66	9.04	A802_2	111.07	9.37

3 讨论

元分析方法在其他研究中已早有应用, Guo 等^[2]对抗大豆胞囊线虫 QTL 进行了元分析, 并得到真实 QTL 及其连锁标记。大豆倒伏性是由多个基因控制的, 而前人对大豆倒伏性 QTL 定位结果比较分散, 无法应用到实际中。整合近年的大豆倒伏性 QTL 信息, 利用 BioMercator2.1 软件的映射功能将其作图群体的倒伏性 QTL 映射到参考图谱上。采用 Meta 分析方法, 在整合前人研究的 QTL 的基础上, 建立数学模型优化 QTL, 缩小置信区间, Meta 分析后的置信区间同样包含了原来定位的主要标记。完成的 QTL 整合图谱标记丰富, 密度高, 可供选择的余地大, 利用在不同群体、不同条件下均检测到的通用 QTL, 在其对应的区段开发相应的基因标记, 对于只能在特定群体中检测到的 QTL, 可以在综合图

谱中的 QTL 定位区域内寻找能够用于 MAS (marker assisted selection, MAS) 的分子标记, 并结合该区段的平均遗传贡献率, 对不同群体的后代进行基因型预测, 再结合表型数据对基因型数据进一步验证, 完成初步分子辅助选择, 可提高 MAS 的实际效率。

本研究通过 Meta 分析, 大大缩小了前人定位 QTL 的置信区间, 随着大豆基因组信息的日趋完善及生物信息学的发展, 今后可方便的在物理图谱中寻找相应的通用 QTL 区段, 并应用生物信息工具, 为候选基因挖掘, QTL 到 QTG 的进程奠定了基础。通用 QTL 为大豆倒伏性 QTL 的精细定位及分子辅助育种奠定了基础。

通过整合分析大豆倒伏性 QTL, 得到大豆倒伏性 QTL 一致性图谱, 分布于 B1C2FGL 个连锁群上, 通过 Meta 分析得到 11 个通用 QTL, 其置信区间最小的可缩小到 1.46cM, 大大减少了 QTL 的定位误

差。可在其对应的区段开发相应的基因标记,为大豆倒伏性 QTL 的精细定位奠定了基础。

参考文献

- [1] Andrew H P, Eric S L, John D H, et al. Resolution of quantitative traits into Mendelian factors by using a complete linkage map of restriction fragment length polymorphisms[J]. *Nature*, 1988, 335:721-726
- [2] 黄中文,赵团结,喻德跃,等.大豆抗倒伏性的评价指标及其 QTL 分析. *作物学报*, 2008, 34(4):605-611
- [3] 周蓉,王贤智,陈海峰,等.大豆倒伏性及其相关性状的 QTL 分析. *作物学报*, 2009, 35(1):57-65
- [4] Lander E, Kruglyak L. Genetic dissection of complex traits: Guidelines for interpreting and reporting linkage results. *Nature Genetics*, 1995, 11:241-247
- [5] Chardon F, Virlon B, Moreau L, et al. Genetic architecture of flowering time in maize as inferred from quantitative trait loci meta-analysis and synteny conservation with the rice genome[J]. *Genetics*, 2004, 168:2169-2185
- [6] Arcade A, Labourdette A, Falque M, et al. Integrating genetic maps and QTL towards discovery of candidate genes[J]. *Bioinformatics*, 2004, 20:2324-2326
- [7] Darvasi A, Weinreb A, Minke V, et al. Detecting marker-QTL linkage and estimating QTL gene effect and map location using a saturated genetic map[J]. *Genetics*, 1993, 134: 943-951
- [8] Darvasi A, Soller M. A simple method to calculate resolving power and confidence interval of QTL map location[J]. *Behavior Genetics*, 1997, 27(2):125-132
- [9] Song Q J, Marek L F, Shoemaker R C, et al. A new integrated genetic linkage map of the soybean[J]. *Theor Appl Genet*, 2004, 109:122-128.
- [10] Yamanaka N, Ninomiya S, Hoshi M, et al. An informative linkage map of soybean reveals QTLs for flowering time, leaflet morphology and regions of segregation distortion[J]. *DNA Res*, 2001, 8:61-72
- [11] Goffinet B, Gerber S. Quantitative trait loci: A meta-analysis[J]. *Genetics*, 2000, 155:463473
- [12] 王珍,方宜钧.大豆 SSR 遗传图谱构建及重要农艺性状 QTL 分析[D]. 南宁:广西大学, 2004
- [13] Guzman P S, Diers B W, Neece D J, et al. QTL Associated with Yield in Three Backcross-Derived Populations of Soybean[J]. *Crop Sci*, 2007, 47:111-122
- [14] Dandan Li, Pfeiffer T W, Cornelius P L. Soybean QTL for Yield and Yield Components Associated with Glycine soja Alleles[J]. *Crop Sci*, 2008, 48:571-581
- [15] Zhang W K, Wang Y J, Luo C 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
- [16] Kassem M A, Shultz J, Meksem K, et al. An updated 'Essex' by 'Forrest' linkage map and first composite interval map of QTL underlying six soybean traits[J]. *Theor Appl Genet*, 2006, 113: 1015-1026
- [17] 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*, 2003, 108(3): 458-467
- [18] Lee S H, Bailey M A, Mian R, et al. Molecular markers associated with soybean plant height, lodging, and maturity across locations[J]. *Crop Sci*, 1996, 36(3):728-735
- [19] Orf J H, Chase K, Jarvik T, et al. Genetics of soybean agronomic traits: I. Comparison of three related recombinant inbred[J]. *Crop Sci*, 1999, 39(6):1642-1651
- [20] Chase K, Chung J, Germann M, et al. Soybean Response to Water: A QTL Analysis of Drought Tolerance[J]. *Crop Sci*, 2001, 41:493-509
- [21] 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
- [22] Kabelka E A, Diers B W, Fehr W R, et al. Putative Alleles for Increased Yield from Soybean Plant Introduction[J]. *Crop Sci*, 2004, 44:784-791
- [23] 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*, 2003, 108:458-467
- [24] Lee S H, Bailey M A, Mian M A R, et al. Identification of quantitative trait loci for plant height, lodging, and maturity in a soybean population segregating for growth habit[J]. *Theor Appl Genet*, 1996, 92:516-523
- [25] 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]. *Theor appl genet*, 1993, 86: 914-918
- [26] Guo B, Slepner D A, Lu P, et al. QTLs associated with resistance to soybean cyst nematode in soybean; Meta-analysis of QTL location[J]. *Crop Sci*, 2006, 46:595-602
- [27] Bian Y M, Chen S Y, Liu M Y. Effects of HF on proline of some plants[J]. *Plant Physiology Communications*, 1988(6):19-21
- [28] Vendruscolo E C G, Schuster I, Pileggi M, et al. Stress-induced synthesis of proline confers tolerance to water deficit in transgenic wheat[J]. *Journal of Plant Physiology*, 2007, 64(10): 1367-1376
- [29] Kishor P B K, Hong Z, Miao G H, et al. Overexpression of Δ^1 -Pyrroline-5-Carboxylate Synthetase Increases Proline Production and Confers Osmotolerance in Transgenic Plants[J]. *Plant Physiology*, 1995, 108:1387-1394
- [30] Nanjo T, Kobayashi M, Yoshida Y, et al. Antisense suppression of proline degradation improves tolerance to freezing and salinity in *Arabidopsis thaliana*[J]. *FEBS Letters*, 1999, 461:205-210
- [31] Gilmour S J, Sebolt A M, Salazar M P, et al. Overexpression of the *Arabidopsis* CBF3 transcriptional activator mimics multiple biochemical changes associated with cold acclimation[J]. *Plant Physiology*, 2000, 124: 1854-1865
- [20] 鲁燕,徐兆师,张瑞越,等. W6 基因的过表达提高转基因烟草的耐盐性[J]. *作物学报*, 2008, 34(6): 984-990
- [21] 徐惠君,庞俊兰,叶兴园,等. 基因枪介导法向小麦导入黄花叶病毒复制酶基因的研究[J]. *作物学报*, 2001, 27(6): 688-693
- [22] Zhang D Z, Wang P H, Zhao H X. Determination of the content of free proline in wheat leaves[J]. *Physiology Communications*, 1990, 4: 62-65
- [23] Hare P D, Cress W A, Van Staden J. Dissecting the roles of osmolyte accumulation during stress[J]. *Plant Cell Environ*, 1998, 21: 535-553
- [24] 徐琼芳,李连城,陈孝,等. 基因枪法获得 GNA 转基因小麦植株的研究[J]. *中国农业科学*, 2001, 34(1): 5-8
- [25] 张新梅,徐惠君,杜丽璞,等. 共转化法剔除转基因小麦中的 bar 基因[J]. *作物学报*, 2004, 30(1):26-30
- [26] 汤章诚. 逆境条件下植物 Pro 积累及其可能的意义[J]. *植物生理学通讯*, 1984, 10(1):15-21

(上接第 754 页)

基于Meta分析的大豆倒伏性相关QTL的整合

作者: 张丽伟, 齐照明, 刘春燕, 胡国华, 陈庆山, ZHANG Li-wei, QI Zhao-ming, LIU Chun-yan, HU Guo-hua, CHEN Qing-shan
作者单位: 张丽伟, 齐照明, 陈庆山, ZHANG Li-wei, QI Zhao-ming, CHEN Qing-shan(东北农业大学, 哈尔滨, 150030), 刘春燕, LIU Chun-yan(东北农业大学, 哈尔滨150030; 黑龙江省农垦科研育种中心, 哈尔滨150090), 胡国华, HU Guo-hua(黑龙江省农垦科研育种中心, 哈尔滨, 150090)
刊名: 植物遗传资源学报 [ISTIC|PKU](#)
英文刊名: [JOURNAL OF PLANT GENETIC RESOURCES](#)
年, 卷(期): 2010, 11(6)

参考文献(26条)

1. Dandan Li;Pfeiffer T W;Cornelius P L [Soybean QTL for Yield and Yield Components Associated with Glycine soja Alleles](#) 2008
2. Chardon F;Virion B;Moreau L [Genetic architecture of flowering time in maize as inferred from quantitative trait loci meta-analysis and synteny conservation with the rice genome](#)[外文期刊] 2004(4)
3. Lander E;Kraglyak L [Genetic dissection of complex traits:Guidelines for interpreting and reporting linkage results](#)[外文期刊] 1995
4. 周蓉;王贤智;陈海峰 [大豆倒伏性及其相关性状的QTL分析](#)[期刊论文]-[作物学报](#) 2009(01)
5. Kassem M A;Shultz J;Meksem K [An updated 'Essex' by 'Forrest' linkage map and first composite interval map of QTL underlying six soybean traits](#)[外文期刊] 2006
6. Zhang W K;Wang Y J;Luo G Z [QTL mapping of ten agronomic traits on the soybean\(Glycine max L. Merr\)genetic map and their association with EST markers](#) 2004
7. Guo B;Sleper D A;Lu P [QTLs associated with resistance to soybean cyst nematode in soybean:Meta-analysis of QTL location](#) 2006
8. Song Q J;Marek L F;Shoemaker R C [A new integrated genetic linkage map of the soybean](#)[外文期刊] 2004(1)
9. Darvasi A;Soller M [A simple method to calculate resolving power and confidence interval of QTL map location](#)[外文期刊] 1997(02)
10. Darvasi A;Weinreb A;Minke V [Detecting marker-QTL linkage and estimating QTL gene effect and map location using a saturated genetic map](#) 1993
11. Arcade A;Labourdette A;Falque M [Integrating genetic maps and QTL towards discovery of candidate genes](#)[外文期刊] 2004(14)
12. 黄中文;赵团结;喻德跃 [大豆抗倒伏性的评价指标及其QTL分析](#)[期刊论文]-[作物学报](#) 2008(04)
13. 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\(Glycine max L. Merr\)](#) 1993
14. Lee S H;Bailey M A;Mian M A R [Identification of quantitative trait loci for plant height, lodging, and maturity in a soybean population segregating for growth habit](#) 1996
15. Wang D;Graef G L;Procopiuk A M [Identification of putative QTL that underlie yield in interapeacific soybean backcross populations](#) 2003
16. Kabelka E A;Diers B W;Fehr W R [Putative Alleles for Increased Yield from Soybean Plant](#)

[Introduction](#)[外文期刊] 2004(3)

17. [Mansur L M;Orf J H;Chase K](#) [Genetic mapping of agronomic traits using recombinant inbred lines of soybean](#)[外文期刊] 1996(05)
18. [Chase K;Chung J;Germann M](#) [Soybean Response to Water:A QTL Analysis of Drought Tolerance](#) 2001
19. [Orf J H;Chase K;Jarvik T](#) [Genetics of soybean agronomic traits: I. Comparison of three related recombinant inbred](#)[外文期刊] 1999(06)
20. [Lee S H;Bailey M A;Mian R](#) [Mocular markers associated with soybean plant height, lodging, and maturity across locations](#)[外文期刊] 1996(03)
21. [Wang D;Graef G L;Procopiuk A M](#) [Identification of putative QTL that underlie yield in interspecific soybean backcross populations](#) 2003(03)
22. [Guzman P S;Diers B W;Neece D J](#) [QTL Associated with Yield in Three Backcross-Derived Populations of Soybean](#)[外文期刊] 2007(1)
23. [王珍;方宣钧](#) [大豆SSR遗传图谱构建及重要农艺性状QTL分析](#) 2004
24. [Goffinet B;Gerber S](#) [Quantitative trait loci:A meta-analysis](#) 2000
25. [Yamanaka N;Ninomiya S;Hashi M](#) [An informative linkage map of soybean reveals QTLs for flowering time, leaflet morphology and regions of segregation distortion](#)[外文期刊] 2001(2)
26. [Andrew H P;Eric S L;John D H](#) [Resolution of quantitative traits into Mendelian factors by using a complete linkage map of restriction fragment length polymorphisms](#) 1988

本文读者也读过(8条)

1. [黄兰兰. 钟开珍. 马启彬. 牟海. 杨存义. HUANG Lan-lan. ZHONG Kai-zhen. MA Qi-bin. NIAN Hai. YANG Cun-yi](#) [基于Meta分析的大豆磷效率相关QTL的整合](#)[期刊论文]-[中国油料作物学报](#)2011, 33(1)
2. [张闻博. 蒋洪蔚. 李灿东. 邱鹏程. 齐照明. 刘春燕. 姜威. 王晶. 胡国华. 陈庆山](#) [基于元分析的大豆胞囊线虫抗性QTL的整合](#)[期刊论文]-[中国油料作物学报](#)2010, 32(1)
3. [杨晓军. 谢传晓. 李新海. 张世煌. YANG Xiao-jun. XIE Chuan-xiao. LI Xin-hai. ZHANG Shi-huang](#) [低氮逆境下玉米产量及相关性状QTL整合与一致性分析](#)[期刊论文]-[玉米科学](#)2010, 18(4)
4. [王晶. 宋万坤. 张闻博. 刘春燕. 胡国华. 陈庆山. WANG Jing. SONG Wan-Kun. ZHANG Wen-Bo. LIU Chun-Yan. HU Guo-Hua. CHEN Qing-Shan](#) [大豆昆虫抗性相关QTLs的元分析](#)[期刊论文]-[遗传](#)2009, 31(9)
5. [吉海莲. 李新海. 谢传晓. 郝转芳. 吕香玲. 史利玉. 张世煌. JI Hai-lian. LI Xin-hai. XIE Chuan-xiao. HAO Zhuan-fang. Lü Xiang-ling. SHI Li-yu. ZHANG Shi-huang](#) [基于元分析的抗玉米丝黑穗病QTL比较定位](#)[期刊论文]-[植物遗传资源学报](#)2007, 8(2)
6. [黄中文. 赵团结. 喻德跃. 陈受宜. 盖钧镒. HUANG Zhong-Wen. ZHAO Tuan-Jie. YU De-Yue. CHEN Shou-Yi. GAI Jun-Yi](#) [大豆抗倒伏性的评价指标及其QTL分析](#)[期刊论文]-[作物学报](#)2008, 34(4)
7. [宋万坤. 王晶. 朱命喜. 齐照明. 刘春燕. 陈庆山. 胡国华](#) [大豆脂肪酸组分相关QTL元分析](#)[期刊论文]-[大豆科学](#)2009, 28(5)
8. [顾慧. 戚存扣. GU Hui. QI Cun-kou](#) [甘蓝型油菜\(Brassica napus L.\)抗倒伏性状的QTL分析](#)[期刊论文]-[江苏农业学报](#)2009, 25(3)

本文链接: http://d.g.wanfangdata.com.cn/Periodical_zwyczyxb201006016.aspx