

DOI: 10.3724/SP.J.1006.2009.00041

大豆蛋白质含量相关 QTL 间的上位效应和 QE 互作效应

单大鹏^{1,2,4} 朱荣胜^{5,**} 陈立君⁶ 齐照明² 刘春燕^{1,2} 胡国华^{1,3,*}
陈庆山^{2,*}

¹ 黑龙江省农垦科研育种中心, 黑龙江哈尔滨 150090; ² 东北农业大学大豆研究所, 黑龙江哈尔滨 150030; ³ 国家大豆工程技术研究中心, 黑龙江哈尔滨 150050; ⁴ 黑龙江省农科院绥化分院, 黑龙江绥化 152052; ⁵ 东北农业大学理学院, 黑龙江哈尔滨 150030; ⁶ 黑龙江省农业科学院作物育种研究所, 黑龙江哈尔滨 150086

摘要: 利用 Charleston×东农 594 重组自交系构建的 SSR 遗传图谱及混合线性模型方法对 2002—2006 连续 5 年的大豆蛋白质含量进行 QTL 定位, 并作加性效应, 加性×加性上位互作效应及环境互作效应分析。共检测到 10 个控制蛋白质含量的 QTL, 分别位于第 B2、C2、D1a、E 和 N 连锁群, 其中 1 个表现为遗传正效应, 9 个表现为遗传负效应, 另检测到 15 对影响蛋白质含量的加性×加性上位互作效应的 QTL, 解释该性状总变异的 13.75%。环境互作检测中, 发现 9 个 QTL 与环境存在互作, 贡献率达到 4.47%。

关键词: 大豆; 蛋白质含量; 混合线性模型; QTL 与环境互作效应; 上位互作效应

Epistatic Effects and QE Interaction Effects of QTLs for Protein Content in Soybean

SHAN Da-Peng^{1,2,4}, ZHU Rong-Sheng^{5,**}, CHEN Li-Jun⁶, QI Zhao-Ming², LIU Chun-Yan^{1,2}, HU Guo-Hua^{1,3,*}, and CHEN Qing-Shan^{2,*}

¹ Crop Research and Breeding Center of Land-Reclamation, Harbin 150090, China; ² Soybean Research Institute, Northeast Agricultural University, Harbin 150030, China; ³ The National Research Center of Soybean Engineering and Technology, Harbin 150050, China; ⁴ Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences, Suihua Institute, Suihua 152052, China; ⁵ College of Science, Northeast Agricultural University, Harbin 150030, China; ⁶ Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences Crop Breeding Institute, Harbin 150086, China

Abstract: Soybean [*Glycine max* (L.) Merr.], widely grown in United States, Brazil, Argentina, and China, is one of the plant protein source. Protein content in soybean is a quantitative trait controlled by multiple genes, and Currently, SoyBase (2007) documented at least 76 QTL associated with protein content that have been mapped in many different populations and environments. The objective of the paper was to investigate epistatic effects and QE interaction effects of QTLs for protein content by mixed linear model. QTLs for soybean protein content were detected in a five-year experiment with the recombination inbred lines (RIL) population derived from a cross between Charleston and Dongnong 594. Ten QTLs with additive effects for protein content were mapped in the linkage groups B2, C2, D1a, E, and N, one of which was the positive effect contributed by Charleston, the others of which were the negative effects donated by Dongnong 94. Fifteen QTLs pairs with epistatic effects for protein content in the RIL were detected, accounting for 13.57% of the general phenotypic variation. There existed interaction between 9 QTLs and environment, and the general contribution to protein content was 4.47%.

Keywords: Soybean; Protein content; Mixed linear model; QTL×environment interaction; Epistatic effects

大豆是植物蛋白质的主要来源。大豆蛋白质含量是数量性状, 受多基因控制, 并且容易受环境变化的影响。随着分子遗传学的发展和 RFLP、RAPD、

SSR、AFLP 等分子标记技术的完善, 尤其是高密度遗传连锁图谱的构建, 使大豆蛋白质含量 QTL 基因定位研究变成了现实^[1]。据 SoyBase (<http://soybean>

本研究由国家重点基础研究发展计划(973 计划)项目(2004CB117203-5), 国家高技术研究发展计划(863 计划)项目(2006AA10Z1F4), 国家科技支撑项目(2006BAD13B05-5), 引进国际农业科学技术计划(948 计划)项目[2006-G51(A)], 黑龙江省高校青年骨干支持计划项目(1152G007), 黑龙江省教育厅科技研究项目(10551029), 黑龙江省博士后科研启动金(LHK-04014), 黑龙江省博士后项目(LRB06-126)资助。

*通讯作者(Corresponding authors): 陈庆山, E-mail: qshchen@sohu.com; Tel: 0451-55191945; 胡国华, E-mail: Hugh757@vip.163.com; Tel: 0451-55199475

**共同第一作者

Received(收稿日期): 2008-04-20; Accepted(接受日期): 2008-07-14.

breederstoolbox.org)最新公布的数据, 76个与大豆蛋白质相关的 QTL 已定位。由于受遗传模式和相关分析软件发展的限制, 以往的大部分研究^[2-6], 只是对蛋白质 QTL 在染色体上的位置及各座位间的互作进行分析, 很少涉及到基因座位与环境的互作效应。自朱军^[7]对原广义遗传模型进行扩展, 使其能无偏地分析基因和环境的互作效应, 以及 Wang 等^[8]开发出分析 QTL 和环境互作的基于混合线性模型的 QTL 分析软件以来, 研究人员^[9-13]对水稻部分性状的 QTL 与环境互作进行了分析, 但在大豆上还未见报道。

本研究利用 QTLMapper1.6^[14]遗传统计软件, 对 2002—2006 连续 5 年种植的 Charleston×东农 594 重组自交系进行蛋白质含量分析, 并进行大豆蛋白质含量 QTL 定位、QTL 间的上位效应及 QTL 与环境的互作效应作分析, 以期今后分子辅助育种提供理论指导。

1 材料与方法

1.1 供试材料

中国农业科学院作物科学研究所提供的 Charleston(♀)和东北农业大学大豆研究所提供的东农 594(♂)及其 154 个 F_{2:10}~F_{2:14} 代重组自交系, 于 2002—2006 连续 5 年在东北农业大学香坊试验站种植, 行长 5 m, 2 次重复, 随机区组设计, 管理同一般大田。

1.2 土壤基础肥力及施肥情况

香坊试验站土壤, 含全氮 0.23%、全磷 0.16%、缓效钾 1 421 mg kg⁻¹、速效氮 155.7 mg kg⁻¹、速效钾 475.5 mg kg⁻¹、有机肥 320 mg kg⁻¹。每年施种肥磷酸二铵约 120 kg hm⁻², 尿素约 40 kg hm⁻², 钾肥约 80 kg hm⁻²。

1.3 气象资料

2002—2006 年群体及亲本种植地点的气象资料见表 1。

1.4 蛋白质含量的测定

用近红外谷物品质分析仪对亲本和重组自交系

群体进行种子蛋白质含量的测定。

表 1 5 年群体及亲本种植地点的气象资料
Table 1 Weather data of planting field in five years

年份 Year	降水量 Rainfall (mm)	平均气温 Average temperature (°C)	日照 Sunlight (h)
2002	528	17.0	1 379
2003	467	17.4	1 363
2004	444	18.1	1 438
2005	410	17.6	1 235
2006	445	18.4	1 349

1.5 统计分析

本群体的遗传图谱已经由张忠臣等^[15]完成。将不同年份作环境因子处理, 采用 QTLMapper1.6 进行蛋白质含量性状 QTL 定位、上位性分析及环境互作分析。以 $P < 0.005$ 和 $LOD > 3.0$ 为阈值来判断 QTL 的存在。

2 结果与分析

2.1 蛋白质的表型变异

亲本 5 年中蛋白质含量的表型数据统计于表 2。总体的蛋白质含量呈现典型的数量遗传模式——近似正态的连续分布(图 1), 适合进行 QTL 定位分析。

2.2 蛋白质含量的 QTL 定位及其环境互作效应

运用混合线性模型的 QTL 定位方法, 联合分析 5 年的蛋白质含量数据, 共检测到 10 个 QTL(表 3), QTL 在连锁群上的位置见图 1, 单个 QTL 的 LOD 值介于 4.32~13.69 之间, 加性效应在 0.164%~0.277%之间, 对性状贡献率为 0.54%~1.55%, 共解释性状变异的 11.76%。10 个 QTLs 分别位于第 B2、C2、D1a、E 和 N 等 5 条连锁群。在 B2 连锁群上的 3 个 QTL, LOD 值分别为 4.32、8.22 和 7.21, 贡献率分别为 0.54%、0.99%和 1.31%, 加性效应值都为负, 分别为 0.164、0.221 和 0.254。在 N 连锁群上的 3 个 QTL, LOD 值

表 2 亲本蛋白质含量在 5 年中的表现
Table 2 Protein content of the parents in five years

年份 Year	Charleston (%)	东农 594 Dongnong 594 (%)	最大值 Max (%)	最小值 Min (%)	平均 Mean (%)	标准差 SD	峰度 Kurtosis	偏度 Skewness
2002	40.35	42.38	45.24	34.63	39.71	0.111	1.950	-0.077
2003	41.21	42.95	45.18	38.98	42.12	0.070	1.216	-0.316
2004	42.38	43.94	46.61	41.01	43.70	0.060	1.001	-0.018
2005	41.21	42.68	48.63	37.78	42.51	0.093	1.549	0.805
2006	40.20	41.80	44.30	38.10	41.29	0.073	1.251	-0.416

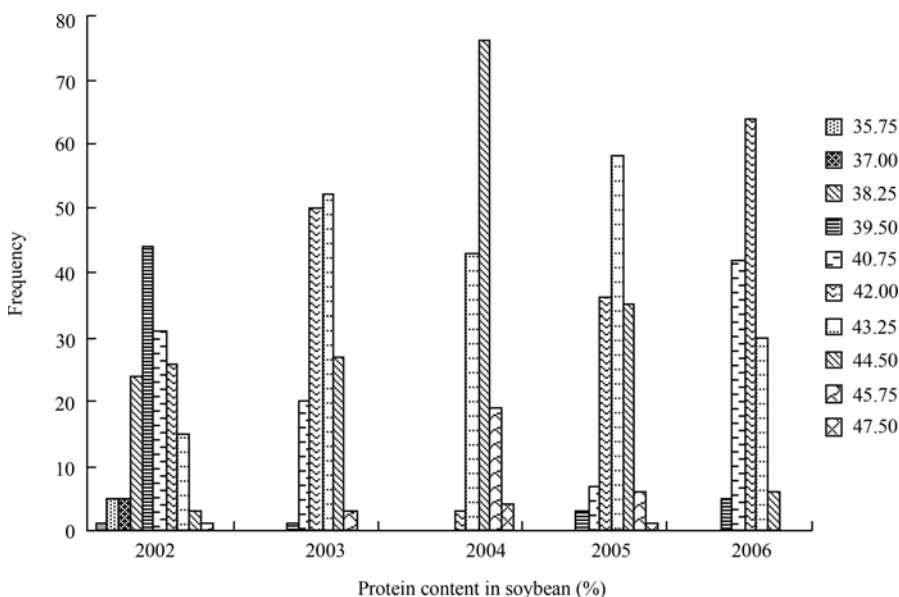


图 1 连续 5 年 RIL 群体蛋白质含量频数分布图

Fig. 1 Frequency distribution of protein content of RIL population in five years

表 3 蛋白质含量 QTL 及 QTL 与环境互作
Table 3 QTL and QE interaction for protein content

QTL	标记区间 Interval	加性效应 A	贡献率 H_A^2 (%)	互作贡献率 H_{AEi}^2 (%)	QTL 与环境互作效应 QTL × environment interactions				
					AEi1	AEi2	AEi3	AEi4	AEi5
Pro. B2-1	satt094-satt556	-0.164	0.54	0.30	0.30	0.149*	-0.147	0.099	-0.068
Pro. B2-2	satt556-satt272	-0.221	0.99	0.07	0.07	0.057	-0.058	0.067	-0.047
Pro. B2-3	sct_094-sat_083	-0.254	1.31	0.00	0.00	0.000	0.005	0.015	-0.016
Pro. C2-2	sat_092-satt460	-0.250	1.27	1.16	1.16	0.135	0.269**	0.077	-0.331*
Pro. D1a-1	satt528-satt175	0.273	1.51	1.16	1.16	0.338**	0.167*	-0.129	-0.198*
Pro. E-2	satt452-satt231	-0.277	1.55	0.33	0.33	0.015	0.046	0.155*	-0.019
Pro. E-3	satt231-satt045	-0.235	1.12	0.71	0.71	-0.091	-0.256**	0.159*	-0.015
Pro. N-1	satt257-satt551	-0.253	1.30	0.13	0.13	-0.056	0.140*	-0.051	-0.001
Pro. N-2	satt551-satt022	-0.276	1.54	0.01	0.01	-0.007	0.027	-0.010	0.004
Pro. N-3	sat_095-sat_091	-0.177	0.63	0.60	0.60	-0.274**	0.022	0.152*	0.138

** : $P < 0.005$; * : $P < 0.05$. A 表示 QTL 加性效应, 正值和负值分别表示遗传正效应来源于 Charleston 和东农 594. AEi1、AEi2、AEi3、AEi4 和 AEi5 分别表示 2002、2003、2004、2005 和 2006 年 5 个环境下 QTL 与环境互作的加性效应。

** : $P < 0.005$; * : $P < 0.05$; A represents additive effect of QTL, and positive and negative value represent the positive genetic effects in protein content from Charleston and Dongnong 594 allele, respectively. AEi1, AEi2, AEi3, AEi4, and AEi5 represent the additive effects of QTL × environment interactions in 2002, 2003, 2004, 2005, and 2006, respectively.

分别为 6.41、6.67 和 5.34, 贡献率分别为 1.30%、1.54%和 0.63%, 加性效应值都为负, 分别为 0.253、0.276 和 0.177。位于 E 连锁群上的 Pro.E-2, 加性效应值和贡献率都较其他座位高, 分别为 -0.277 和 1.55%, LOD 值为 11.41; Pro.E-3 的 LOD 值为 10.51, 加性效应为 -0.235, 贡献率为 1.12%。10 个 QTL 中只有 Pro.D1a-1 加性效应值为 0.273, 表现为遗传正效应, 即增加蛋白质含量的等位基因来源于母本 Charleston。其余 9 个 QTL 加性效应均负值, 增加蛋

白质含量的等位基因来源于父本东农 594。

Pro.B2-3 在 2002 年和 2003 年与环境没有发生互作, 其与环境互作的贡献率为 0, 其他 9 个蛋白质含量的 QTL 都与环境之间存在互作。单个 QTL 与环境互作效应的贡献率在 0.01%~1.16%之间, 以位于 C2 和 D1a 连锁群上的 Pro.C2-2 和 Pro.D1a-1 与环境互作的贡献率最大(1.16%)。所有与环境互作效应的贡献率都小于其自身的加性效应贡献率。9 个 QTL 与环境互作效应的总贡献率达 4.47%, 明显小于 10 个

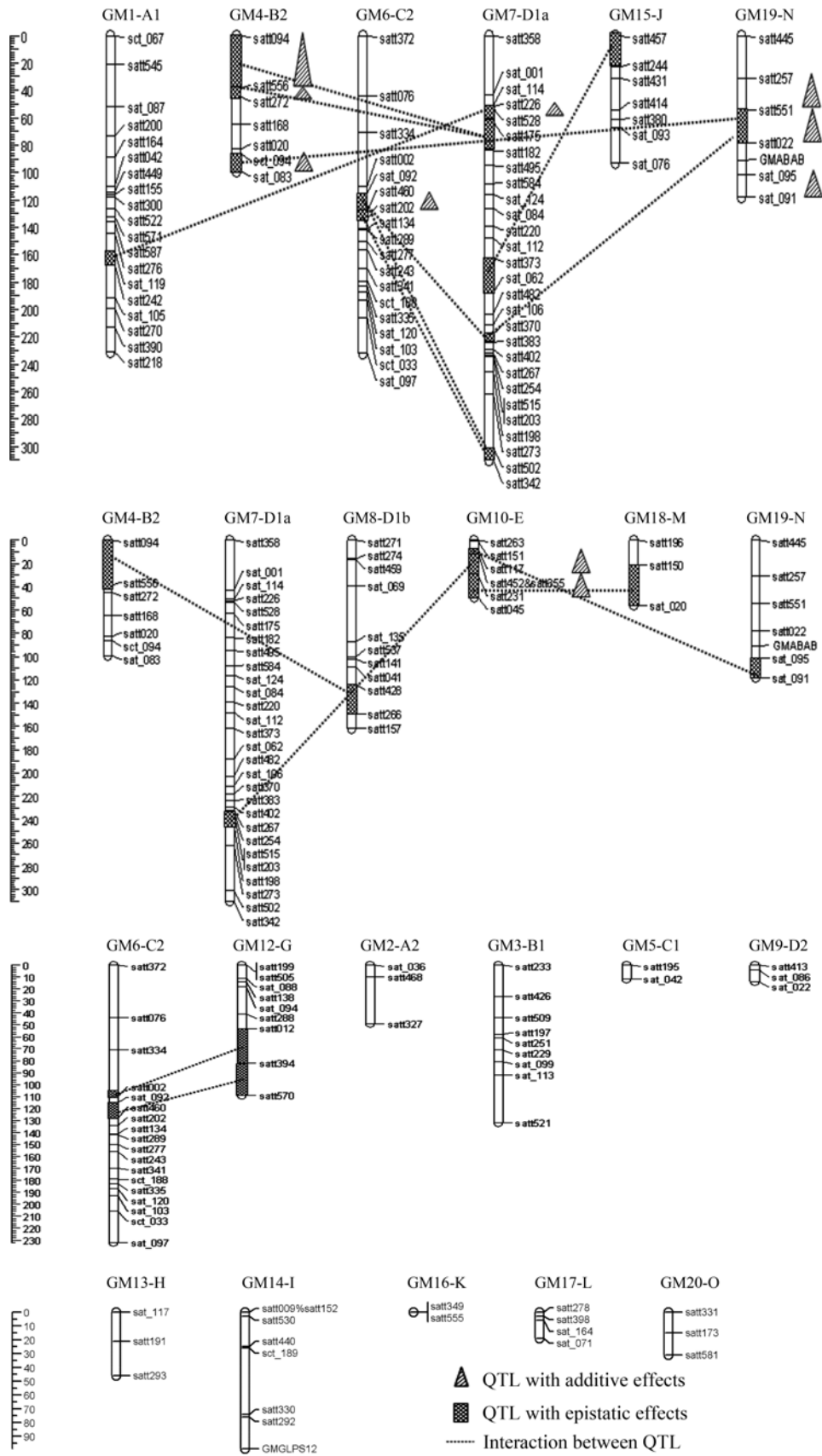


图 2 检测到的 QTL 及加性效应 QTL 在连锁群上的分布
 Fig. 2 Location of QTLs and epistatic effects QTLs on linkage groups

QTL 加性效应的总贡献率。

2.3 蛋白质含量上位互作效应

在上位互作效应分析中, 检测到 15 对影响蛋白质含量的加性×加性上位互作效应的 QTL(表 4), 上位效应值在 0.094%~0.442% 之间, 贡献率在 0.16%~2.83% 之间, 解释该性状总变异的 13.75%。在上位互作中, 1 对发生在控制蛋白质含量的显著 QTL 之间, LOD 值为 19.8, 贡献率为 1.02%, 效应值

大小为 0.265, 为亲本型大于重组型, 但是没有检测到这对上位效应与环境的互作。在 15 对上位互作中, 12 对发生在 1 个 QTL 和 1 个互作位点之间, 解释变异为 8.97%。3 对发生在非连锁的互作座位之间, 解释变异为 4.78%。3 对效应值为负值, 即重组型大于亲本型; 12 对效应值为正值, 即亲本型大于重组型。在 15 对上位互作中, 有 3 对上位效应没有检测到与环境的互作, 解释变异为 2.48%。

表 4 蛋白质含量加性×加性上位互作效应 QTL
Table 4 With epistatic effects QTLs of additive×additive for protein content

QTL	标记区间 Interval	QTL	标记区间 Interval	上位效应 AAij	贡献率 H^2 (AAij) (%)	AAEij1 ^a	AAEij2	AAEij3	AAEij4	AAEij5
Pro. A1-1	sat_119-satt242	Pro. D1a-1	satt528-satt175	0.259**	0.97	0.97	-0.0219	-0.0220	-0.037	0.0056
Pro. B2-1	satt094-satt556	Pro. D1a-2	satt175-satt182	0.000	0.00	0.00	0.0000	0.0000	0.000	0.0000
Pro. B2-1	satt094-satt556	Pro. D1b-1	satt428-satt266	-0.219**	0.69	0.69	-0.4183**	-0.0839	0.019	0.1994*
Pro. B2-2	satt556-satt272	Pro. D1a-2	satt175-satt182	-0.094*	0.13	0.13	-0.0367	-0.0209	0.019	0.0301
Pro. B2-3	sct_094-sat_083	Pro. N-1	satt551-satt022	0.265**	1.02	1.02	0.0000	0.0000	0.000	0.0000
Pro. C2-1	satt002-sat_092	Pro. G-1	satt012-satt394	0.442**	2.83	2.83	0.5617	-0.0182	-0.367**	-0.1255
Pro. C2-2	sat_092-satt460	Pro. D1a-4	satt370-satt383	-0.104**	0.16	0.16	0.0034	-0.0037	-0.011	0.0038
Pro. C2-2	sat_092-satt460	Pro. D1a-6	satt502-satt342	0.213**	0.66	0.66	0.2675**	0.0104	-0.088	-0.1272
Pro. C2-2	sat_092-satt460	Pro. G-2	satt394-satt570	0.379**	2.08	2.08	0.2559**	-0.0882	-0.204**	0.0059
Pro. C2-3	satt460-satt202	Pro. D1a-6	satt502-satt342	0.252**	0.92	0.92	0.3176**	-0.0497	-0.186*	-0.0028
Pro. D1a-3	satt373-sat_062	Pro. J-1	satt457-satt244	0.267**	1.03	1.03	0.3238**	0.0742	-0.332**	0.2292*
Pro. D1a-4	satt370-satt383	Pro. N-1	satt551-satt022	0.318**	1.46	1.46	0.0000	0.0000	0.000	0.0000
Pro. D1a-5	satt203-satt198	Pro. E-2	satt452-satt231	0.152**	0.33	0.33	0.0316	-0.0001	-0.180*	0.1063
Pro. E-1	satt151-satt117	Pro. N-2	sat_095-sat_091	0.112**	0.18	0.18	0.0095	-0.0651	0.060	0.0731
Pro. E-3	satt231-satt045	Pro. M-1	satt150-sat_020	0.299**	1.29	1.29	0.0314	0.0582	-0.051	-0.1052

** : $P < 0.005$; * : $P < 0.05$; AAEij1、AAEij2、AAEij3、AAEij4 和 AAEij5: 2002、2003、2004、2005 和 2006 年 5 个环境下 QTL 与环境互作的上位效应。

** : $P < 0.005$; * : $P < 0.05$; AAEij1, AAEij2, AAEij3, AAEij4, and AAEij5 indicate the epistatic effects of QTL × environment interactions in 2002, 2003, 2004, 2005, and 2006, respectively.

3 讨论

国内外有关大豆蛋白质含量 QTL 定位的研究很多, 但都是以单个环境下的数据为基础进行检测的, 尚未见有通过多年数据的联合分析进行 QTL 检测的报道。从统计上讲, 同时分析多个环境下的数据, 能增大 QTL 的检测强度, 准确估计 QTL 的位置和效应^[16]。本研究运用混合线性模型方法对连续 5 年的大豆蛋白质含量进行联合分析, 共检测到 10 个 QTL, 分别位于 B2、C2、D1a、E 和 N 连锁群, 其中仅有 1 个表现为遗传正效应。2004 年 Hymen 等^[5]用 Essex×Williams

的重组自交系群体在 C2 连锁群上定位的 Satt460, 与本研究找到的 QTL 位点一致。

QTL 研究表明, 上位性效应对数量性状有重要的作用^[17-18], 但是关于大豆蛋白质含量上位效应的研究很少有报道, 本研究发现 15 对上位互作位点, 发生在 11 个连锁群之间, 涵盖了一半以上的连锁群。没有覆盖到的 9 条连锁群, 可能是因其标记位点较少。在 15 对上位互作位点中, 没有一对是发生在同一条连锁群上的; 在不同的连锁群上, 有一对一的互作, 也有一个 QTL 同时与多个 QTL 发生互作。在 D1a 连

锁群上, 有 6 个位点与其他连锁群发生上位互作, 共有 9 对上位互作位点。说明上位互作方式的广泛性和复杂性, 是蛋白质含量性状的遗传基础之一。

随着分子标记的开发应用和 QTL 定位技术的不断发展, 分子标记辅助育种的在农业生产中的应用展现出诱人的前景。但数量性状遗传方式的复杂性给实际应用带来了诸多不便。通过对同一研究材料在多种环境条件下进行 QTL 定位和对各互作效应更加细致的剖析, 以选择受环境影响小, 遗传稳定, 贡献率高的 QTL 来改良作物的某些性状的研究思路来越受研究人员的关注^[19-20]。本研究表明, 一些在加性效应显著的 QTL 与 QTL 间通常存在上位效应。因此, 在分子标记辅助育种中既应该考虑对效应起主要作用的 QTL, 又要考虑与其存在上位效应的 QTL。虽然主效应往往受环境影响小, 但 QTL 与环境互作, 仍应考虑选择受环境影响小的 QTL 有助于提高分子标记选择的效率, 有利于性状的稳定表达和遗传。

4 结论

定位了 10 个与大豆蛋白质含量相关的 QTL, 大多数都与环境发生互作, 说明大豆蛋白质含量受多基因控制, 且易受环境变化的影响。定位的 15 对上位互作位点, 说明上位互作方式的广泛性和复杂性, 是蛋白质含量性状的遗传基础之一。定位的蛋白质含量 QTL, 对大豆高蛋白质标记辅助育种有很大帮助。

References

- [1] Song Q J, Marek L F, Shoemaker R C, Lark K G, Concibido V C, Delannay X, Specht J E, Cregan P B. A new integrated genetic linkage map of the soybean. *Theor Appl Genet*, 2004, 109: 122-128
- [2] Wu X-L(吴晓雷), Wang Y-J(王永军), He C-Y(贺超英), Chen S-Y(陈受宜), Gai J-Y(盖钧镒), Wang X-C(王学臣). QTLs mapping of some agronomic traits of soybean. *Acta Genet Sin* (遗传学报), 2001, 28(10): 947-955(in Chinese with English abstract)
- [3] Brummer E C, Graef G L, Orf J, Wilcox J R, Shoemaker R C. Mapping QTL for seed protein and oil content in English soybean population. *Crop Sci*, 1997, 37: 370-378
- [4] Chapman A, Pantalone V R, Ustun A, Allen F L, Landau-Ellis D, Trigliano R N, Gressoff P M. Quantitative trait loci for agronomic and seed quality traits in an F₂ and F_{4,6} soybean population. *Euphytica*, 2003, 129: 387-393
- [5] Hyten D L, Pantalone V R, Sams C E, Saxton A M, Landau-Ellis D, Stefaniak T R, Schmidt M E. Seed quality QTL in a prominent soybean population. *Theor Appl Genet*, 2004, 109: 552-561
- [6] Panthee D R, Pantalone V R, West D R, Saxton A M, Sams C E. Quantitative trait loci for protein and oil concentration, and seed size in soybean. *Crop Sci*, 2005, 45: 2015-2022
- [7] Zhu J(朱军). General genetic models and new analysis methods for quantitative traits. *J Zhejiang Agric Univ* (浙江农业大学学报), 1994, 20(6): 551-559(in Chinese with English abstract)
- [8] Wang D L, Zhu J, Li Z K, Paterson A H. Mapping QTLs with epistatic effects and QTL-environment interactions by mixed linear model approaches. *Theor Appl Genet*, 1999, 99: 1255-1264
- [9] Yuan A-P(袁爱平), Cao L-Y(曹立勇), Zhuang J-Y(庄杰云), Li R-Z(李润植), Zheng K-L(郑康乐), Zhu J(朱军), Cheng S-H(程式华). Analysis of additive and AE interaction effects of QTLs controlling plant height, heading date and panicle number in rice (*Oryza sativa* L.). *Acta Genet Sin* (遗传学报), 2003, 30(10): 899-906 (in Chinese with English abstract)
- [10] Li Z-F(李泽福), Zhou T(周彤), Zheng T-Q(郑天清), Luo L-G(罗林广), Xia J-F(夏加发), Zhai H-Q(翟虎渠), Wan J-M(万建民). Analysis of QTL×environment interactions for heading date of rice (*Oryza sativa* L.). *Acta Agron Sin* (作物学报), 2002, 28(6): 771-776(in Chinese with English abstract)
- [11] Gao Y-M(高用明), Zhu J(朱军), Song Y-S(宋佑胜), He C-X(何慈信), Shi C-H(石春海), Xing Y-Z(邢永忠). Use of permanent F₂ population to analyze epistasis and their interaction effects with environments for QTLs controlling heading date in rice. *Acta Agron Sin* (作物学报), 2004, 30(9): 849-854(in Chinese with English abstract)
- [12] Zhang J-P(张焦平), Jiang L-R(江良荣), Huang J-X(黄建勋), Zhang K(张凯), Wang H-C(王侯聪), Huang Y-M(黄育民). Analysis of epistatic and QE interaction effects of QTL controlling heading date in rice (*Oryza sativa* L.). *Mol Plant Breed* (分子植物育种), 2006, 4(3): 351-357(in Chinese with English abstract)
- [13] Cao L-Y(曹立勇), Zhan X-D(占小登), Zhuang J-Y(庄杰云), Zheng K-L(郑康乐), Cheng S-H(程式华). QTL mapping and epistasis analysis for yield components in a RIL population of rice (*Oryza sativa* L. subsp. *indica*). *Sci Agric Sin* (中国农业科学), 2003, 36(11): 1241-1247(in Chinese with English abstract)
- [14] Wang D-L(王道龙), Zhu J(朱军), Li Z-K(黎志康), Paterson A H. QTLMapper1.6. (2004-12)[2005-2]. <http://ibi.zju.edu.cn/software/qtlmapper/index.htm>
- [15] Zhang Z-C(张忠臣), Zhan X-L(战秀玲), Chen Q-S(陈庆山), Teng W-L(滕卫丽), Yang Q-K(杨庆凯), Li W-B(李文滨). QTL mapping of seed oil and protein content of soybean. *Soybean Sci* (大豆科学), 2004, 23(2): 81-85(in Chinese with English abstract)
- [16] Jansen R C, Van Ooijen J M, Stam P. Genotype-by-environment interaction in genetic mapping of multiple quantitative trait loci. *Theor Appl Genet*, 1995, 91: 33-37
- [17] Orf J H, Chase K, Jarvik T, Mansur L M, Cregan P B, Adler F R, Lark K G. Genetics of soybean agronomic traits: I. Comparison of three related recombinant inbred populations. *Crop Sci*, 1999, 39: 1642-1651

- [18] Specht J E, Chase K, Macrander M, Graef B L, Chung J, Markwell J P, Germann M, Orf J H, Lark K G. Soybean response to water: A QTL analysis of drought tolerance. *Crop Sci*, 2001, 41: 493–509
- [19] Guo L-B(郭龙彪), Luo L-J(罗利军), Xing Y-Z(邢永忠), Xu C-G(徐才国), Mei H-W(梅捍卫), Wang Y-P(王一平), Zhong D-B(钟代彬), Qian Q(钱前), Ying C-S(应存山), Shi C-H(石春海). Dissection of QTLs in two years for important agronomic traits in rice (*Oryza sativa* L.). *Chin J Rice Sci* (中国水稻科学), 2003, 17(3): 211–218(in Chinese with English abstract)
- [20] Bao J-S(包劲松), Bao Z-Y(包志毅), He P(何平), Zhu L-H(朱立煌). Detection of QTLs controlling heading date in the process of rice development at two environments. *J Zhejiang Univ* (浙江大学学报), 2002, 28(1): 27–32(in Chinese with English abstract)

《作物学报》获奖情况

- (1) 1992 年获 “中国科协优秀自然科学学术期刊三等奖”
- (2) 1992 年获 “中国农业科学院优秀期刊奖”
- (3) 1992 年获 “北京市优秀自然科学期刊奖”
- (4) 1992 年获 “国家新闻出版署印刷质量奖”
- (5) 1996 年获 “中国科协优秀自然科学学术期刊二等奖”
- (6) 1996 年获 “全国农口优秀学术期刊奖”
- (7) 据北京大学图书馆和北京高校联名著的 2000\2004\2008 年版《中文核心期刊要目总览》登载, 本刊名列 “农学、农作物” 类核心期刊的首位
- (8) 2000 年获中国科技信息研究所颁发 “全国农学期刊影响因子排序第二名” 的奖励证书
- (9) 2002 年获 “全国农业优秀期刊一等奖”
- (10) 2002 年荣获 “第三届中国科协优秀科技期刊二等奖”
- (11) 2002 年被评为 “首届百种中国杰出学术期刊”
- (12) 2003 年被评为 “第二届百种中国杰出学术期刊”
- (13) 2004 年被评为 “第三届百种中国杰出学术期刊”
- (14) 2004 年获 “全国农业优秀期刊一等奖”
- (15) 2005 年获 “第三届国家期刊奖提名奖”
- (16) 2005 年被评为 “第四届百种中国杰出学术期刊”
- (17) 2006 年被评为 “第五届百种中国杰出学术期刊”
- (18) 2007 年被评为 “第六届百种中国杰出学术期刊”
- (19) 2008 年被评为 “第七届百种中国杰出学术期刊”