

玉米数量性状 RFLP 分子标记研究进展*

杨俊品

荣廷昭

(四川省农科院作物所,成都 610066) (四川农业大学,雅安 625014)

摘 要:本文综述了玉米数量性状特别是产量性状的 RFLP 分子标记近 10 年来的研究进展,包括所用群体类型及容量、标记图谱、主要 QTL 位点及其遗传效应。并指出了存在的问题及其发展趋势。

关键词:玉米;数量性状;RFLP;分子标记;QTL

中图分类号:S 513.032

1980 年 Botstein 等^[1]首次建议利用 Randomly - dispersed RFLPs 作为人类一种新遗传标记以来,该技术已在生物技术领域得到广泛应用。玉米中, Riven 等(1983)^[2]、Burr 等(1983)^[3]和 Helentjaris(1986)等^[4]报道了利用重复或简单拷贝 DNA 序列作探针检测到玉米不同自交系中的显著多态性。Helentjaris 等(1986)^[5,6]利用 500~1 000 bp 的简单序列克隆 100 多个,以 H427 × 761 的 F₂ 群体,建立了玉米第一张 RFLPs 分子标记遗传图谱(113 个 RFLP 标记位点)。此后 10 年,这一领域的研究得到广泛重视,通过不同群体(F₂、F_{2:3}、RIL、B - A 易位系、DH、NIL)、不同探针及限制内切酶,已构建了接近饱和的玉米 RFLP 标记图谱(表 1, Coe, 1995)^[7]。

表 1 玉米的 RFLP 分子标记数目

连锁群	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
标记数目	174	110	140	187	113	88	112	104	67	73

1 数量性状 RFLP 分子标记

表 2 株高 QTL RFLP 分子标记结果(Beavis, 1991)

群体或组合	世代	植株 数目	识别多 态位点	作图 方法	覆盖基因 组大小(cM)	主要标记位点(括号内为所在染色体)	
						位 点	占表型变异(%)
B73 × Mo17	F _{2:4}	112	148	IM	2 200	bn18.35(3), wxl(9), umc131(2) pio150033(10), bn12.06(1), umc42(4)	73
B73 × G35	F _{2:4}	112	106	IN	2 100	umc83(1), umc61(2) bn15.37(3), pio200006(3)	53
K05 × W65	F _{2:4}	144	78	IM	1 600	bn17.56(5), pio1000014(5) bn110.39(8)	34
J40 × V94	F _{2:4}	144	68	IM	1 500	pio200569(7), umc81(9) pio20095(6)	45

* 本研究由四川省“九五”生物技术育种攻关项目资助。

收稿日期:1998-02-20

玉米数量性状位点(Quantitative trait loci, QTL)的 RFLP 分子标记的首次报道,几乎同时见于 Ottaviano 等(1991)^[8]对耐热性,Reiter 等(1991)^[9]对低磷环境胁迫,Beavis 等(1991)^[10]对株高的研究。其中,Beavis 等的结果(表 2),共用 203 个 RFLP 标记和 6 个同工酶标记检测,4 个组合分别检测到 68~148 个遗传标记,其中有 3~6 个占表型变异 34%~73%。其后,Edwards 等对玉米数量性状的 RFLP 标记进行了广泛研究,结果(表 3)。

表 3 玉米 QTLs RFLP 标记研究概况

研究者	群体或亲本	世代	植株数目	标记位点	作图方法	涉及性状	显著位点数	占表型变异(%)
Edwards 等(1992) ^[11]	Col59 × Tx303	F ₂	187	114	交换值计算	株高、穗位高、抽丝期、单株粒重、各穗部性状等 22 个农艺性状	3~11	
Zehr 等(1992) ^[12]	FRB73 × FRMol7	F ₂	220	34	ANOVA	产量、株高、穗位高、熟期、穗长、穗粗、粒深、穗行、百粒重		
Goldman 等(1993) ^[13]	IHP × ILP	F _{2:3}	100	100	ANOVA	粒数/株、抗茎倒、根倒	2~9	8.4~40.3
Koester 等(1993) ^[14]	NC264 × SC76	F _{2:3}	350	150	IM	蛋白质、淀粉含量	10	
	B73G × B73	F _{2:3}	260	150	IM	散粉期、总叶片数	5~8	23~39
Schon 等(1993) ^[15]	B73 × B52	F _{2:3}	300	87	IM	散粉期、总叶片数	5~8	23~39
Goldman 等(1994) ^[16]						抗螟、株高	3~7	24.8~37
Schon 等(1994) ^[17]	KW1265 × D146	F ₂	380	89	IM	蛋白质含量、粒重、株高	4~8	12.3~59.9
Sughrue 等(1994) ^[18]	IHO, ILO, RHD RLO 品系	品系	42/个	49	IM	油份含量	/	
Hayashi, T. 等(1994) ^[19]						提出了 QTL'S IM 一种新模型 $\rho(S)^2, \eta(S)^2$ 区分 A、D		
Doebley 等(1994) ^[20]	CXM	F ₂	260	58	IM	粒重(maize 与 teosinte 多态性差异)	4	4~31/个
	RXP	F ₂	290	82	IM	粒重(maize 与 teosinte 多态性差异)	6	4~34/个
Veldboom 等(1994) ^[21,22]	Mol7 × H99	F _{2:3}	150	103	IM	株高、穗位高、抽丝期、抽雄期、子粒产量、各穗部性状	1~6	30.9~71
Ragot 等(1995) ^[23]	C7-343 × Mol7	F ₂ , F _{2:3}	324/308	30	IM			
	C7-351 × Mol7	F ₂ , F _{2:3}	423/395	26	IM	散粉期、抽丝期、穗数、株高、穗位	产量 2	30~35.0
	C7-351 × C7-369	F ₂ , F _{2:3}	419/387	34	IM	高、子粒产量、叶面积、穗上叶片数	3	6.1~27.4
	C7-317 × Mol7	F ₂ , F _{2:3}	396/352	23	IM	雄穗分枝数、风干率	1	30
	C7-360 × B73	F ₂ , F _{2:3}	352/396	31	IM		1	13.8
Berke 等(1995) ^[24]	IHO × IHL	F ₂	200	30	ANOVA	抽雄期、株高、穗位高、300 粒重、蛋白质、油分和淀粉含量	3~7	31.5~58.4
Ajmoné - Marsan 等(1995) ^[25]	B73 × A73	F _{2:3}	232	87	IM	子粒产量、干物后含量、株高、容重	4~8	26.4~38.8
Hesham A. S. A 等(1996) ^[26]	SD34 × SD35	F _{2:3}	300	70	IM	耐旱性、子粒产量、ASI、穗数/株	5 产量	50
Sourdille 等(1996) ^[27]	F ₂ × ALines	F ₂	392	66	IM	4 种花色素苷色素沉淀	7	3.1~68.3/个
Kozumplik 等(1996) ^[28]	自然授粉品种	F ₂	169			子粒产量、株高、散粉天数		

1.1 标记群体

Cowen(1988)^[29]研究指出,用于玉米数量性状分子标记的群体有 7 种类型,如下图:

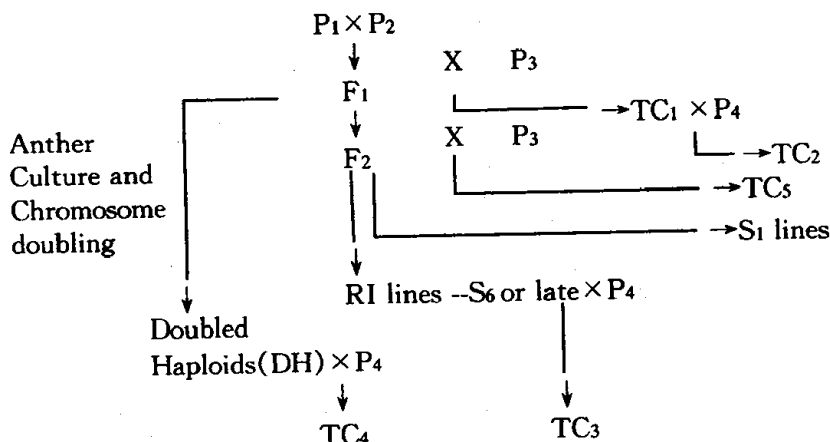
其中, P_1 、 P_2 、 P_3 可能来自于同一杂种优势群(heterotic group),而 P_4 则应来源另外杂种优势群。再从 P_1 、 P_2 来看,由于玉米的多态性极好,一般品种间配制即可成为理想的 RFLP 作图群体^[30],目前已进行标记的群体(P_1 、 P_2)绝大多数分别来源于不同杂种优势群或外源种质,也有来源于近缘种属^[20],从作图群体看,目前采用绝大多数为 F_2 或 $F_{2:3}$ 而群体的大小由遗传图谱的饱和度(标记间的平均图距),所要求的作图精度和作图群体种类,数量性状的遗传率及其基因效应,作图方法等决定。玉米目前分子标记图谱的平均间距已小于 10cM(相当于重组率 < 0.10),借助如此饱和度的遗传图谱,对遗传力较高的数量性状作图,若需获得无偏的重组率等参数估计,一般要求样本容量 ≥ 100 ^[30]。从已发表的研究看,玉米 QTL RFLP 标记的样本容量一般为 200 左右。

1.2 限制酶和探针

目前使用的限制酶主要是 HindⅢ、EcoRI、EcoRV、BamHI 等。而使用的 cDNA 探针已形成了较完整与庞大的文库^[21],主要有:

Native Plants Inc. (npi) (Weber and Helentjaris, 1989); Brookhaven National Laboratories (bnl) (Burr 等, 1988); University of Missouri - Columbia(umc) (Coe 等, 1990); Pioneer Hi - Bred International(php) (Beavis 等, 1991); Iowa state University(isu)。

在已进行 QTL 的 RFLP 标记中,对特定性状一般选取分属上 cDNA 文库的探针 100 个左右,即获得较为完整的标记图。



1.3 作图方法

目前已发展起来的作用图方法有^[30]:均值一方差分析法(ANOVA)、矩法和最大似然法、区间作图法(IM)和复合区间作图法(CIM)。惠大丰等(1997)^[31]以玉米组合 Ki3 × CML139 的 F₂ 群体的有关玉米抗螟、株高、穗位高 3 个性状的 QTL 图谱,分析比较了 ANOVA、IM 和 CIM,3 种方法具较高同一性,估计的基因效应也无显著差异。就目前发表的研究看,绝大多数采用 IM,而 IM 提供了 QTL data 作图最为精确的方法^[24]。

1.4 主要结论

表 4 不同研究者(组合)株高 RFLP 标记结果

组 合	主要标记位点(括号内为所在染色体)	基因效应	共占表型变异(%)
Mol7 × H99 ^[21]	umc37(1L), npi280(6L), umc34(2S) umc35(7L), bn115, bn115.45(4L)	A, D, OD, PD	67.1
B73 × Mol7 ^[10]	bn18.35(3), wx1(9), umc131(2) piol50033(10), bn12.06(1), umc42(4)	/	73.0
Ki3 × CML139 ^[31]	10 个主要位点	A, D	/
IHO × IHL ^[24]	php90272(1), umc10(3), bn17.49(10) php90499(5), umc30(8)	A, A + D, D	/
Col59 × Tx303 ^[11]	分布于 1、3、4、6、7、8、9、10 染色体 11 个	/	/

目前发表的研究,主要进行 QTL 标记的性状有:株高、穗位高、抽雄和抽丝期,产量及产量

性状分量、抗逆(虫、旱、低肥等)、品质(蛋白质、淀粉、油分等)。主要研究结果:①标记位点覆盖整个基因组,1 400~2 200 cM,平均 15~24cM;②显著性位点 1~10 多个,多数 4~8 个,连锁或独立,其遗传效应占表型变异的 4%~6%;③遗传效应表现为加性、显性、部分显性和超显性。RFLP 标记对环境稳定;④不同作图群体采用相同(似)方法对同一性状的标记位点、数目、基因效应和作用,表现较大的差异,如株高,同一研究者不同组合表现较大差异(表 2),Rogat 的结果也有相似表现^[23],不同研究者结果差异也较大(表 4),其它性状有类似表现。

2 产量、产量性状分量的标记

从表 3 可见众多研究者中,他们从不同着重点(外源种质导入、逆境下等)研究了产量的 RFLP 标记(表 5)。在这些研究中,Edwards 等(1992)、Veldboom 等(1994)^[22]是对产量及产量性状分量的专门研究。从控制产量性状基因位点标记数目看,主要位点数为 1~3 个,其中 Veldboom(1994)^[22]只标记出一个位点 np1280(6L),占表型总变异 35%,表现为显性效应。这些位点分布于染色体组的 10 条染色体上,从 Veldboom 等(1994)^[22]与 Ajmone - marsan 等(1985)^[25]研究看,以第 6 染色体最重要(B73 × A733 第 6 染色体的 4 个位点占表型总变异的 24.5%)。此外,从表 5 还可看出,控制产量的主要基因位点标记,其作用占表型总变异的 30%左右(27.4%~39.7%)。

表 5 玉米产量 RFLP 标记

组 合	主要标记位为(括号内为所在染色体)	占表型变异(%)
CO159 × Tx303 ^[11]	13 个显著位点于 1S, 1L, 2S, 2L, 3S, 4S, 4L, 7L, 8S, 8L, 9L 上	
Mo17 × H99 ^[22]	np1280(6L)	35.0
C7 - 317 × Mo17 ^[23]	bn15.71 - umc39B(5)	30.0
C7 - 351 × Mo17 ^[23]	umc128 - np1282B(1)	35.8
	umc31A - umc15(4)	39.7
C7 - 351 × C7 - 369 ^[23]	umc60(3)	27.4
B73 × A73 ^[25]	umc042(4), umc019(4), umc059(6), umc021(6), umc059(6)	35.4
	umc114(9), umc095(9), umc161(10), umc146(10)	

关于产量性状分量,以 Veldboom 等(1994)^[22]的研究较为全面(表 6)。从中可以看出,300 粒重,单株穗数、穗长、穗粗、轴粗、粒深、穗行等性状 QTL 的标记分别为 2~6 个,占表型变异的 39%~71%,基因效应表现为 A、D、PD、OD。

3 问题与发展趋势

玉米数量性状的 RFLP 标记近 10 年来已进行了较广泛的研究,包括 QTL 检测与选择方法, QTL 的遗传特点等,但主要是在构建较为饱和的 RFLP 连锁图谱的基础上进行 QTL 定位及其遗传参数分析。该领域的研究正成为国际玉米分子生物学研究热点之一,正方兴未艾。目前,如下问题有待进一步研究。

3.1 关于研究手段

从作图群体看,已有研究集中于 F_2 或 $F_{2:3}$ 等暂时性群体,对于第一次构建标记图谱,因其最大似然估计具一致最小方差,这是有利的,但无法永久使用。采用永久性群体如 RIL、NIL 和 DH 则具有更多优点:一是由于所有等位基因固定,可以无限地用于新标记作图,研究小组之间可共享;二是可重复检验,特别适于数量性状分析;三是可从自交产生的 10~20 个植株的混

合样品加以准确测定而不是从 F_2 或 $F_{2:3}$ 的单株进行分析。从作图方法看,已有研究多采用 IM,而不同作图方法标记的位点虽然同质性较高,但也有一定差异^[31],谨慎的作法是应用几种构图方法,并优先标定几种方法共同发表的 QTL's。

表 6 产量性状分量 RFLP 标记

性 状	染色体位置	RFLP 标记	距 离 (cM)	最 大 LOD 值	占总变异 (%)	性 状	染色体位置	RFLP 标记	距 离 (cM)	最 大 LOD 值	占总变异 (%)
单株产量	6L	npi280	-10	10.7	35	轴粗	1S	npi234	-13	2.2	10
	1L	npi236	0	2.4	7		1L	bn17.08	0	7.3	20
	3S	umc175	0	8.1	22		2L	umc98	8	9.3	24
300 粒重	4L	npi410	0	4.3	12	4L	npi292	-31	3.1	29	
	5S	umc166	0	2.9	11		5L	Bt1	8	2.3	10
	6L	npi280	12	4.7	19		7L	bn115.21	4	6.4	21
单株穗数	8L	npi268	-9	2.3	9	粒深	1S	umc157	-12	2.5	10
	3L	umc165A	-5	5.4	19		3L	umc165A	-9	5.1	19
	6L	bn115.47	10	5.7	24		6L	npi280	-4	8.5	30
穗长	1S	npi234	2	2.7	9	7L	bn18.44A	-10	2.1	9	
	3L	umc165A	16	2.3	11		8L	umc48	6	2.2	8
	5S	umc27	-8	3.0	14		穗行	1S	bn15.52	0	2.3
穗粗	6L	npi280	-8	8.0	35	2S		umc78	-11	11.2	41
	8L	bn19.08	12	2.1	10	4S		Bt2	0	2.1	6
	1L	umc37	10	6.1	24	株高	4L	umc15	0	4.8	14
2L	umc4	-8	4.7	21	1L	umc37	18	8.2	39		
	3L	umc165A	-9	2.6		10	2S	umc34	-14	2.2	9
	6L	npi280	-4	5.7		19	4L	bn115.45	0	2.2	6
7L	umc110	6	3.4	16	6L	npi280	-8	4.4	17		
	8L	umc48	8	3.3		13	7L	umc35	-3	2.6	9

(Veldboom 等, 1994)

3.2 关于饱和图谱的构建

基本标记图谱要求标记间的平均间隔不大于 20 cM,而对于数量性状的 QTL 定位,标记间的平均间隔需在 10 cM 以下,才能最大可能找到有关的 QTL。玉米基因组大小为 1 550 cM,含 7.2×10^6 kb,饱和图谱的构建所需标记数目在 10 cM、5 cM、1 cM、0.5 cM 时分别为 160、320、1 600、3 200^[30]。虽然就整个基因组而言,玉米目前已建立了接近 1 cM 的饱和图谱(表 1),但就数量性状特别是产量性状,各个研究者所获不同群体建立的图谱显然饱和度不够(群体差异,样本容量较小之故),一般标记间平均间隔 15~20 cM,而且在一些特定区域具较大空间,如 4L 近着丝粒区段(Veldboom, 1994)^[21],且多数性状仅发现 4~8 个主要位点,只占表型变异的 4%~60%。因此,应采用两个差异极大的材料如栽培种 $\times$ 野生种,不同组合,大样本(500 以上),将图谱饱和程度建立在 0.5 cM 以下。

3.3 关于遗传效应

至今的研究表明,对大多数玉米数量性状特别是产量性状,所有 QTL 的遗传效应均表现为 A、D、OD、PD,没有发现有显著的上位性互作^[11,17,24];且绝大多数 QTL 对地点稳定,未发现有基因型与环境的互作^[11,25],这些结果显然与传统数量遗传学结果相悖,值得进一步研究。

此外,Veldboom 等^[21,22]还观察到控制相关性状的 QTL 往往定位在同一染色体的相同或相邻区域上,如 6L 上的 npi280,分别控制单株产量、穗长、穗粗、粒深、株高,3L 上的 umc165A 分别控制单株穗数、穗长、穗粗、粒深等相关性状,且作用方向一致。这些性状相关的原因可能是

一因多效 (Pleiotropy), 但若 QTL 定位是低世代群体如 F_2 、BC1 等中进行的, 则这种推断可信度较低, 需用高世代群体进一步观察这些性状的相关遗传情况, 则可确定相关性状的原因。

3.4 关于 RFLP 标记与其它遗传标记的关系

RFLP 标记与形态、染色体、生化标记之间的关系, 对数量性状的辅助选择 (Marker - Based Selection) 具有重要意义。Robert (1985)^[10] 认为, 一些质量性状突变体位点与影响数量性状表达的基因位点是相同的, Beavis 等 (1991)^[10] 对株高的研究表明, 其 RFLP 标记与质量性状的遗传位点对应的有 12 个, 如 bn18.35 $\rightarrow$ di, umc83 $\rightarrow$ brl, anl 等。但有关这方面的研究尚较少, 需进一步研究。

3.5 RFLP 标记与 MAS

RFLP 标记只是手段, 从应用角度讲, 利用 RFLP 标记, 进行数量性状的辅助选择 (MAS), 以便更有效地解决数量性状, 特别是产量性状的改良, 有关研究已有较多报道, 并已取得突破性进展。如 Stuber 等 (1995)^[32] 采用回交, 利用 RFLP 标记的 MAS, 将 1~4 个产量 QTL 从 Tx303 转移到 B73, 从 oh43 转移到 Mo17, 育成的“增强”B73 和“增强”Mo17 产量得到很大提高, 用“增强”B73 和 Mo17 配制的杂交种均高于对照, 最高增产 15%。关于玉米数量性状特别是产量性状的 MAS, 目前有很多研究小组正开展工作, 主要研究 QTL 的 RFLP 标记的鉴定与选择如何有效的结合, 近期可取得较大进展。

参 考 文 献

- [1] Botstein D, et al. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *Am. J. Hum. Genet.*, 1980, 32: 314 - 331.
- [2] Rivin C J, et al. Evaluation of genomic variability at the nucleic acid level. *Plant Mol. Biol. Rep.*, 1983, 1: 9 - 16.
- [3] Burr B, et al. The application of restriction fragment polymorphism to plant breeding. *Genetic Engineering Principles and Methods*, 1983, 5: 45 - 59.
- [4] Helentjaris T, et al. Restriction fragment polymorphisms as probes for plant diversity and their development as tools for applied plant breeding. *Plant Mol. Biol.*, 1985, 5: 109 - 118.
- [5] Helentjaris T, et al. Construction of genetic linkage maps in maize and tomato using restriction fragment length polymorphisms. *Theor. Appl. Genet.*, 1986, 12: 761 - 769.
- [6] Helentjaris T, et al. Construction of a genetic linkage map in maize using restriction fragment polymorphisms. *Maize Genet. Coop. Newslett.*, 1986, 60: 118 - 120.
- [7] Coe E H, et al. *Maize Genetics Cooperation Newsletter*, 1995, 69.
- [8] Ottaviano E, et al. Molecular markers (RFLPs and HSPs) for the genetic dissection of thermotolerance in maize. *Theor. Appl. Genet.*, 1991, 81: 713 - 719.
- [9] Reiter R S, et al. Genetic analysis of tolerance to low phosphorus stress in maize using restriction fragment length polymorphisms. *Theor. Appl. Genet.*, 1991, 82: 561 - 568.
- [10] Beavis W P, et al. Quantitative trait loci for plant height in four maize populations and their associations with qualitative genetic loci. *Theor. Appl. Genet.*, 1991, 83: 141 - 145.
- [11] Edwards M D, et al. Molecular - marker - facilitated investigation of quantitative trait loci in maize. 4. Analysis based on genome saturation with isozyme and restriction fragment length polymorphisms markers. *Theor. Appl. Genet.*, 1992, 83: 765 - 774.
- [12] Zehr B E, et al. Use of RFLP markers to search for alleles in a maize population for improvement of an elite hybrid. *Theor. Appl. Genet.*, 1992, 83: 903 - 911.
- [13] Goldman I L, et al. Quantitative trait loci influencing protein and starch concentration in an Illinois Long Term Selection maize strains. *Theor. Appl. Genet.*, 1993, 87: 217 - 24.
- [14] Koester R P, et al. Identification of quantitative trait loci controlling days to flowering and plant height in RFLP markers to search for

- alleles in a maize population for improvement of an elite hybrid. *Theor Appl. Genet.*, 1993, 83: 903 – 911.
- [15] Schon C C, et al. Mapping and characterization of quantitative trait loci affecting resistance against second – generation European corn borer in maize with the aid of RFLPs. *Heredity*, 1993, 70: 648 – 659.
- [16] Goldman I L, et al. Molecular markers associated with maize kernel oil concentration in an Illinois High Protein $\times$ Illinois Low Protein cross. *Crop Sci.*, 1994, 34: 908 – 915.
- [17] Schon C C, et al. RFLP mapping in maize quantitative trait loci affecting testcross performance of elite European flint lines. *Crop Sci.*, 1994, 34: 378 – 389.
- [18] Sughrue J R, et al. Restriction fragment length polymorphism differences among Illinois long term selection oil strains. *Theor Appl. Genet.*, 1994, 87: 916 – 924.
- [19] Hayashi T, et al. Detection of additive and dominance effects of QTLs in interval mapping of F_2 RFLP data. *Theor Appl. Genet.*, 1994, 87: 1021 – 1027.
- [20] Doebley J, et al. Inheritance of kernel weight in two maize – teosinte hybrid populations implications for crop evolution. *J. of Heredity*, 1994, 85: 191 – 195.
- [21] Veldboom L R, et al. Molecular marker – facilitated studies in an elite maize population: I linkage analysis and determination of QTL for morphological traits. *Theor Appl. Genet.*, 1994, 88: 7 – 16.
- [22] Veldboom L R, et al. Molecular – marker – facilitated studies of morphological traits in maize II determination of QTLs for grain yield and yield components. *Theor Appl. Genet.*, 1994, 89: 451 – 458.
- [23] Ragot M, et al. Molecular – marker – mediated characterization of favorable exotic alleles at quantitative trait loci in maize. *Crop Sci.*, 1995, 35: 1306 – 1315.
- [24] Berke T G, et al. Quantitative trait loci for flowering, plant and ear height and kernel traits in maize. *Crop Sci.*, 1995, 35(6): 1542 – 1549.
- [25] Ajmone – Marsan P, et al. In an elite cross of maize a major quantitative trait loci controls one – fourth of the genetic variation for grain yield. *Theor Appl. Genet.*, 1995, 90: 415 – 424.
- [26] Hesham A S Agrawal, et al. Mapping QTLs in breeding for drought tolerance in maize (*Zea mays* L.). *Euphytica*, 1996, 91: 89 – 97.
- [27] Sourdille P, et al. Detection of linkage between RFLP markers and genes affecting anthocyanin pigmentation maize (*Zea mays* L.). *Euphytica* 1996, 91: 21 – 30.
- [28] Kozumplik V, et al. 在外源种质衍生的玉米中用分子标记检测数量性状位点. *Maydica*, 1996, 41(3): 211.
- [29] Cowen N M. The use of replicated progenies in marker – based mapping of QTL's. *Theor Appl. Genet.*, 1988, 75: 857 – 862.
- [30] 徐云碧, 朱立煌. 分子数量遗传学. 北京: 中国农业出版社, 1994
- [31] 惠大丰, 等. 数量性状基因图谱构建方法的比较. *作物学报*, 1997, 23(2): 131 – 136
- [32] Stuber C, et al. Yield improvement success using marker – facilitated QTL transfer between maize lines. *Abstract of Plant Genome*, 1995

Improvement of RFLP – Marker – Facilitated Studies of QTLs in Maize

YANG Jun – pin

(Crop Research Institute, Sichuan Academy of Agr. Sci., Chengdu 610066)

RONG Ting – zhao

(Sichuan Agricultural University, Ya'an 625014)

Abstract: This paper summarized that improvement of RFLP – markers – facilitated studies of QTLs, especially for grain yield and yield components, in maize had been conducted for 10 years, including population and its contents, markers maps, locations of QTLs, and genetic effects. It also indicated the problems and directions needed to study.

Key words: Maize; QTLs; Molecular marker; RFLP