

基于 SSR 标记的小粒大豆品种(系)遗传多样性分析

卢婧妍^{1,2}, 胡刘涛^{1,2}, 赵洪锟², 刘晓冬², 袁翠平², 齐广勋², 王玉民^{1,2*},
董英山^{2*}

(1. 吉林农业大学农学院, 长春 130118; 2. 吉林省农业科学院, 长春 130033)

摘要: 为了解东北地区小粒大豆品种(系)的遗传多样性特点, 利用 21 对 SSR 引物对来自东北不同地区来源的 44 份小粒大豆品种(系)进行遗传多样性分析。结果表明, 供试的 44 份东北地区小粒大豆品种(系)共检测到 115 个等位变异, 平均每个位点等位变异数 5.5 个, 等位变异数在 3~11 个之间, 多态性信息含量指数(PIC)在 0.309 1~0.815 7 之间, 平均为 0.629 7。利用 6 对高多态性的 SSR 引物构建了 44 份小粒大豆品种(系)的指纹图谱, 可以有效区分 44 份小粒大豆材料。44 份小粒大豆品种(系)间的遗传相似系数变异范围为 0.25~0.95, 聚类分析结果表明 44 份小粒大豆材料可以分为 5 个类群, 可以反映不同来源的小粒大豆品种(系)间的亲缘关系, 可为小粒大豆遗传改良提供参考。

关键词: 小粒大豆; 遗传多样性; SSR 标记

中图分类号: S565.1

文献标识码: A

文章编号: 2096-5877(2021)03-0027-07

Genetic Diversity Analysis of Small Seed Soybean Varieties (Lines) Based on SSR Markers

LU Jingyan^{1,2}, HU Liutao^{1,2}, ZHAO Hongkun², LIU Xiaodong², YUAN Cuiping², QI Guangxun², WANG Yumin^{1,2*},
DONG Yingshan^{2*}

(1. College of Agronomy, Jilin Agricultural University, Changchun 130118; 2. Jilin Academy of Agricultural Sciences, Changchun 130033, China)

Abstract: To determine the genetic diversity characteristics small seed soybean varieties (lines) in Northeast China, 21 pairs of SSR primers were used to analyze the genetic diversity of 44 small seed soybean varieties (lines) which were collected from different regions in Northeast China. The results showed that a total of 115 alleles were detected from 44 small seed soybean varieties (lines) in Northeast China and 3~11 alleles were detected at different SSR locus with an average of 5.5 alleles per SSR locus. The PIC ranged from 0.309 1 to 0.815 7 with an average of 0.629 7. Six pairs of highly polymorphic SSR primers were used to construct the fingerprints of 44 small seed soybean varieties (lines), which could discriminate these 44 small seed soybeans efficiently. Pair-wise genetic similarity coefficients of 44 small seed soybean varieties (lines) ranged from 0.25 to 0.95. The cluster analysis showed that 44 small seed soybean varieties (lines) could be divided into five major groups, reflecting a certain genetic exchange between small seed soybean varieties (lines) from different regions.

Key words: Small seed soybean; Genetic diversity; SSR marker

小粒大豆是指相对于常规籽粒用大豆而言, 百粒重在 8~12 g 之间的小粒型大豆, 是生产纳豆

和豆芽的理想原料^[1]。日本、韩国较早开展了纳豆、芽豆用小粒大豆品种的选育工作^[2-3]。为了满足日本和韩国市场需求, 美国一些大学和公司也开展了小粒大豆品种选育工作^[4]。我国对小粒大豆的选育工作开展较晚, 第一个通过栽培大豆和野生大豆杂交育成的小粒大豆品种是吉林小粒 1 号, 东北地区以纳豆和豆芽专用为目标的小粒大豆品种选育工作已有一定的基础^[5], 据不完全统计, 育成的小粒大豆品种已超过 40 个。

收稿日期: 2019-12-31

基金项目: 吉林省农业科技创新工程项目(CXGC2017ZD014); 吉林省农业科技创新工程人才基金(C82230415)

作者简介: 卢婧妍(1995-), 女, 在读硕士, 主要从事大豆分子育种研究。

通讯作者: 王玉民, 男, 博士, 研究员, E-mail: wangym@cjaas.com
董英山, 男, 博士, 研究员, E-mail: ysdong@cjaas.com

大豆简单序列重复(Simple Sequence Repeat, SSR)标记具有数量丰富、覆盖整个基因组、共显性、多态性高和重复性好等特点^[6],广泛用于大豆遗传多样性、遗传图谱构建^[7]、基因定位^[8-9]、指纹图谱构建^[10]和亲缘关系^[11]等方面研究。谢华等^[12]以中国秋大豆为试验材料,从大豆20个连锁群上选取了200个SSR位点,筛选出60个SSR核心位点。这套SSR核心位点具有等位变异丰富,多态性信息含量高等优点,被广泛用于研究栽培大豆^[13-14]和野生大豆的遗传多样性^[15-16]。郑淑波^[17]对来自吉林省和黑龙江省22份小粒大豆品种进行了ISSR(Inter-Simple Sequence Repeats)分子检

测,发现吉林省小粒大豆品种(系)的遗传多样性较高。本研究拟采用SSR标记对来自东北地区的44份小粒大豆品种(系)进行分析,明确其遗传多样性特点,为东北地区小粒大豆的遗传改良、品种鉴定和新品种选育提供参考。

1 材料与方法

1.1 材料

本实验材料为来自东北地区育成的小粒大豆品种(系)44份。包括吉林省31份,黑龙江省9份,辽宁省3份,内蒙古自治区1份。具体品种(系)名称及来源见表1。

表1 供试44份小粒大豆品种(系)名称及来源

编号	品种名称	系谱	来源	编号	品种名称	系谱	来源
1	吉林小粒1号	平顶四×GD50477	吉林省农业科学院	23	吉科豆10	公野9140×黑龙江小粒豆	吉林省农业科学院
2	吉林小粒2号	-	吉林省农业科学院	24	吉科豆11	长农9号×Hobbit	吉林省农业科学院
3	吉林小粒3号	-	吉林省农业科学院	25	东农690	日本小粒豆×东农小粒豆845	东北农业大学
4	吉林小粒4号	吉林18号×(通农9号×GD50444-1)	吉林省农业科学院	26	敦化东农690	日本小粒豆×东农小粒豆845	敦化市雁鸣湖工贸有限责任公司
5	吉林小粒5号	-	吉林省农业科学院	27	东农50	加拿大引进Electron小粒豆品种	东北农业大学
6	吉林小粒6号	公野9140-5×公野8648	吉林省农业科学院	28	绥小粒豆1号	绥87-5976×吉林小粒豆1号	黑龙江省农业科学院绥化分院
7	吉林小粒7号	公野9140×黑龙江小粒豆	吉林省农业科学院	29	绥小粒豆2号	绥小粒豆1号×绥99-4889	黑龙江省农业科学院绥化分院
8	吉林小粒8号	公野8748×北海道小粒豆	吉林省农业科学院	30	龙小粒豆1号	黑农26×龙79-3434	黑龙江省农业科学院作物育种研究所
9	吉育101	(高蛋白白系×吉林28)F ₂ ×吉林小粒4号	吉林省农业科学院	31	龙小粒豆2号	龙8601×ZYY5310	黑龙江省农业科学院作物育种研究所
10	吉育102	公野9362×吉青1号	吉林省农业科学院	32	合丰54	龙小粒豆1号(龙9777)×日本小粒豆	黑龙江省农业科学院佳木斯分院
11	吉育103	公野9526×吉青1号	吉林省农业科学院	33	合农58	龙小粒豆1号(龙9777)×日本小粒豆	黑龙江省农业科学院佳木斯分院
12	吉育104	公野9317-15×吉林小粒3号	吉林省农业科学院	34	垦农小粒1号	-	黑龙江八一农垦大学
13	吉育105	公野0128F ₁ ×公野9930	吉林省农业科学院	35	通农14	通农11×通化野生大豆T12	通化市农业科学研究院
14	吉育106	吉林小粒4号×绥农14	吉林省农业科学院	36	通农15	通农11×通化野生大豆	通化市农业科学研究院
15	吉育107	公野2031F ₃ ×公野2028F ₃	吉林省农业科学院	37	延农小粒1号	延交8302(延交75-14×50546)F ₃ ×延交75-14	延边州农业科学院
16	吉育108	吉林小粒7号×公野0244F ₃	吉林省农业科学院	38	吉青小粒1号	-	吉林省农业科学院

续表 1

编号	品种名称	系谱	来源	编号	品种名称	系谱	来源
17	吉育 109	敦化中粒×公野 0220F ₃	吉林省农业科学院	39	辽小粒豆 2 号	-	辽宁省农业科学院
18	吉育 110	吉育 105×吉育 101	吉林省农业科学院	40	辽小粒豆 1 号	龙小粒豆 1 号×辽豆 3 号	辽宁省农业科学院
19	吉育 111	吉林小粒 6 号×Denny	吉林省农业科学院	41	蒙豆 6 号	选自扎幌小粒豆×加拿大小粒大豆	呼伦贝尔市农业科学研究所
20	吉育 113	绥农 15×CUNA	吉林省农业科学院	42	吉黑 6 号	公品 20002×吉林小粒 8 号	吉林省农业科学院
21	吉育 115	公野 09Ys10×公野 8146-3	吉林省农业科学院	43	营小粒豆 1 号	营豆 812-04×熊小粒 812-03-2	营口市农业科学研究所
22	吉大豆 9 号	-	吉林大学	44	公小 1 号	-	吉林兴农大豆科技有限公司

注:“-”表示未查到系谱

1.2 方法

1.2.1 基因组 DNA 提取

选取籽粒饱满的种子种植于花盆中,基质为椰糠土,在培养箱(25 °C,光照 16 h,黑暗 8 h)内培养至长出 3 出复叶。取新鲜的 3 出复叶,采用改良 CTAB 法^[18]提取基因组 DNA,用 100 μL TE 溶液(65 °C 预热)充分溶解,1% 琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 质量,用 NanoDrop 2000 c 检测 DNA 质量及浓度,用 ddH₂O 稀释到 50 ng/μL,放于-20 °C 备用。

1.2.2 引物

参考谢华等筛选出的 60 个大豆 SSR 标记核心位点^[7],选取分布在大豆 20 个连锁群上的 SSR 核心标记 21 对,在大豆公共数据(<http://www.soybase.org/>)查看引物序列,引物由吉林省库美生物科技有限公司合成。

1.2.3 PCR 与毛细管电泳

PCR 总反应体系为 10 μL:1.5 μL 模板 DNA, Forward Primer 0.5 μL, Reverse Primer 0.5 μL, 2× TransTaq-TPCR SuperMix(北京全式金生物技术有限公司,货号为 AS122) 5 μL, ddH₂O 补足至 10 μL。PCR 扩增程序:94 °C 预变性 5 min;94 °C 变性 30 s, 51 °C 退火 45 s, 72 °C 延伸 45 s, 循环 34 次;72 °C 延伸 10 min 后于 4 °C 保存,PCR 产物用 QIAxcel ADvanced 仪器检测。

1.2.4 数据统计与分析

每个 SSR 标记作为一个位点,在不同材料中存在相同或不同等位变异,在相同的迁移率位置上,用数字 1 和 0 来记录材料等位变异的有无,“1”代表此位点有某一等位变异,“0”代表无等位变异。建立 SSR 标记的 0,1 矩阵。采用 GenAl-

Ex6.5 (Peakall and Smouse)^[19] 计算等位基因数, Shannon-Weaver 多样性指数, $H' = -\sum P_i \ln P_i$ ^[20], 其中 P_i 为第 i 个等位变异的频率。采用 PowerMarker3.25^[21] 计算每对引物的多态性信息含量 (PIC), $PIC = 1 - \sum P_i^2$, P_i 表示群体中含有第 i 个等位变异的比列^[22]。利用软件 NTSYS-2.11a^[23] 计算品种(系)间遗传相似系数,采用非加权类平均法 (unweighted pair-group method with arithmetic means, UPGMA) 对 44 份小粒大豆品种(系)进行聚类分析,并绘制聚类图。

2 结果与分析

2.1 SSR 标记多态性分析

利用 21 对引物对 44 份小粒大豆品种(系)进行 PCR 扩增,共扩增出 115 条等位基因,平均每对引物扩增出 5.5 个等位基因,等位基因的变异范围为 3~11,其中, Satt180 扩增出的多态性位点最多,达 11 个, Satt390 与 Satt307 扩增出的多态性位点最少,为 3 个。各位点 Shannon's 多样性指数为 0.628 1~2.016 4,均值为 1.246 5。不同 SSR 位点的 PIC 变化较大, Satt352 的 PIC 最小,仅为 0.309 1;而 Satt180 的 PIC 最高,为 0.815 7,大多数位点的 PIC 在 0.500 0~0.800 0 之间,平均每个位点的 PIC 为 0.629 7(表 2)。

2.2 小粒大豆品种(系)指纹图谱构建

根据毛细管电泳结果,选择多态性信息含量高而且带型清晰的 SSR 引物,并记录迁移的位置和分子量大小,筛选出 Satt180、Satt173、Satt146、Satt226、sat022 和 Satt434 6 对 SSR 引物组合可有效区分 44 份小粒大豆品种(系)。由表 3 可知,6

表2 21对SSR引物及其所在的连锁群、等位基因数、PIC值和多样性指数

SSR引物	连锁群	等位基因数	PIC值	多样性指数	SSR引物	连锁群	等位基因数	PIC值	多样性指数
Satt300	A1	4	0.394 6	0.712 4	Satt434	H	5	0.695 3	1.332 6
Satt390	A2	3	0.463 8	0.725 1	Satt571	I	5	0.641 5	1.205 0
Satt197	B1	8	0.495 2	1.170 1	Satt431	J	6	0.655 0	1.332 6
Satt180	C1	11	0.815 7	2.016 4	Satt242	K	4	0.675 6	1.229 1
Satt307	C2	3	0.577 5	0.933 6	Satt373	L	6	0.483 5	1.057 4
Satt184	D1a	5	0.746 9	1.436 3	Satt308	M	4	0.668 4	1.162 6
Satt267	D1a	6	0.567 9	1.167 1	Satt022	N	5	0.749 3	1.459 7
Satt226	D2	5	0.761 4	1.513 1	Satt173	O	9	0.814 8	1.884 5
Satt146	F	7	0.742 9	1.515 4	Satt345	O	6	0.697 3	1.396 3
Satt309	G	4	0.583 7	1.033 3	Satt216	D1b+W	4	0.683 5	1.265 6
Satt352	G	4	0.309 1	0.628 1	平均		5.43	0.6297	1.246 5

表3 利用6对引物构建的44份小粒大豆品种(系)的数字指纹图谱

编号	引物名称及指纹编号						编号	引物名称及指纹编号					
	Satt180	Satt173	Satt146	Satt226	Satt022	Satt434		Satt180	Satt173	Satt146	Satt226	Satt022	Satt434
1	0000000100	001000000	1010000	01000	00001	00101	23	00000001000	000000100	0000010	01000	10000	01000
2	00100000000	000001000	0000010	00100	00100	00110	24	00000000010	010000000	0000100	00100	01001	00110
3	00001000000	000001000	0000010	00100	01000	10000	25	00000001000	010000000	0000010	01000	00001	00100
4	00000001000	000001000	0000110	01000	00010	00100	26	01000000000	000100000	0000010	01000	00001	00110
5	00000010000	001000000	0000001	10000	00001	10000	27	00000000100	001000000	0000100	00001	10000	00100
6	00000001000	000001000	0000001	01000	00100	00100	28	00000010000	000100000	0000010	10000	01000	00100
7	00000001000	000001000	0000010	10000	10001	00100	29	00000010000	000010000	0000010	00100	01000	00100
8	00000001000	010000000	1010000	00010	00010	10000	30	00000001000	001000000	0000100	00100	10000	01000
9	00100000000	010000001	0000001	01000	00001	00100	31	00000001000	000001000	0001000	00100	10000	00100
10	00000010000	000001000	0000100	00100	01000	10000	32	00000100000	001000000	0000100	10000	01000	10000
11	00000010000	000100000	0000100	00010	00001	00100	33	00000001000	010000000	0000100	01000	01000	00100
12	00010000000	000100000	0000001	01000	00100	00100	34	10000000000	000010000	0000001	01000	10000	10000
13	00000000010	000001000	0000001	01000	00101	00001	35	00000000001	000010000	0000100	01000	10000	10000
14	00100000000	000001000	0000010	00010	00101	10000	36	00000000001	000000010	0000001	00100	10000	10000
15	00010000000	010000000	0000010	00010	00001	10000	37	00000001000	010000000	0100000	00001	00001	01000
16	00001001000	000001000	0000100	10000	00100	00100	38	00000010000	000001000	0000100	00100	00001	10000
17	00000010000	000001000	0000100	10000	00001	01000	39	00100000000	100000000	0000001	00001	01000	01000
18	00000010000	000001000	0000001	01000	10001	01000	40	00100000000	100000000	0000001	00001	01000	00100
19	00000001000	010000000	0000001	00010	00101	00100	41	00000001000	000100000	0000100	00100	10001	10000
20	10000000001	010000000	0000001	00100	10001	01000	42	00100000000	010000000	0000100	00010	10000	10000
21	00000001000	010000000	0000010	01000	00100	10000	43	00000001000	100000000	0000010	00010	00100	10000
22	00000001000	000000001	0000010	01000	10000	00100	44	00000100000	001000000	0000001	00010	01000	01000

注: Satt180 11个等位变异的分子量分别为: 181、197、208、211、223、232、248、250、269、272、330 bp; Satt173 9个等位变异的分子量分别为: 188、191、207、218、227、234、245、367、386 bp; Satt146 7个等位变异的分子量分别为: 166、238、257、279、281、299、303 bp; Satt226 5个等位变异的分子量分别为: 299、307、318、327、333 bp; Satt022 5个等位变异的分子量分别为: 195、207、216、220、305 bp; Satt434 5个等位变异的分子量分别为: 303、339、349、350、362 bp

对SSR引物共扩增出42个有效多态性片段, 每对引物的多态性片段数在5~11之间, 平均每对引物产生7个等位基因位点。其中引物Satt180可区

分出5份材料, Satt180和Satt173组合后可区分出14份材料, Satt180、Satt173和Satt146组合后可区分出12份材料, Satt180、Satt173、Satt146和Satt226

组合后可区分出 5 份材料, Satt180、Satt173、Satt146、Satt226 和 Satt022 组合后可区分出 5 份材料。用 1,0 表示各个等位基因位点的有无, 构建了 44 份小粒大豆品种(系)的数字指纹图谱, 可以准确快速地对小粒大豆品种(系)进行鉴定。

2.3 小粒大豆品种(系)聚类分析

利用 NTSYS-2.10 软件计算 44 份小粒大豆品种(系)间的遗传相似系数, 结果表明, 44 份小粒大豆材料的遗传相似系数在 0.25 ~ 0.95 之间, 采用非加权组平均法(UPGMA)进行聚类分析, 获得 44 份小粒大豆聚类树状图(图 1)。44 份小粒大豆材料可分为 5 个类群, 第 I 类群包括吉林小粒 1 号、延农小粒 1 号、吉林小粒 2 号、吉育 108、吉林小粒 3 号、吉育 109、吉育 110 和吉育 105 8 个品种, 除延农小粒 1 号外, 均由吉林省农业科学院育成。第 II 类群包括吉林小粒 4 号等 20 个品种, 可分为 4 个亚群。亚群 a 包括吉林小粒 4 号、吉林小粒 6 号、吉育 101、吉育 104、吉育 111、吉林小粒 7 号和吉科豆 10 7 个品种, 均由吉林省农业科学院育成; 亚群 b 包括吉林小粒 8 号、吉育 115、营小粒

豆 1 号、吉黑 6 号、吉育 107 5 个品种, 全部由吉林省农业科学院育成; 亚群 c 包括龙小粒豆 1 号、合丰 54、合丰 58、蒙豆 6 号、龙小粒豆 2 号 5 个品种, 分别来自黑龙江与内蒙古等地区; 亚群 d 包括辽小粒豆 2 号、辽小粒豆 1 号和公小 1 号 3 个品种(系), 分别来自辽宁与吉林地区。第 III 类群包括吉林小粒 5 号、垦农小粒豆 1 号、吉育 102、吉青小粒 1 号、吉育 103、通农 15 和吉育 106 等 7 个品种, 除垦农小粒 1 号外, 均来自吉林省农业科学院。第 IV 类群包括吉大豆 9 号、敦化东农 690、绥小粒豆 1 号、绥小粒豆 2 号 4 个品种。第 V 类群包括吉育 113、吉科豆 11、东农 690、东农 50 和通农 14 等 5 个品种。来自不同地区的小粒大豆品种(系)并不是完全按其来源聚在一起, 只有第 I 类群中的品种均来自吉林省农业科学院。由于不同育种单位间相互引种作为育种亲本, 导致不同来源的小粒大豆品种(系)间存在亲缘关系, 如在类群 II 中的吉林小粒 7 号、吉科豆 11 含有黑龙江小粒豆血缘; 合丰 54 和合农 58 含有龙小粒豆 1 号血缘。

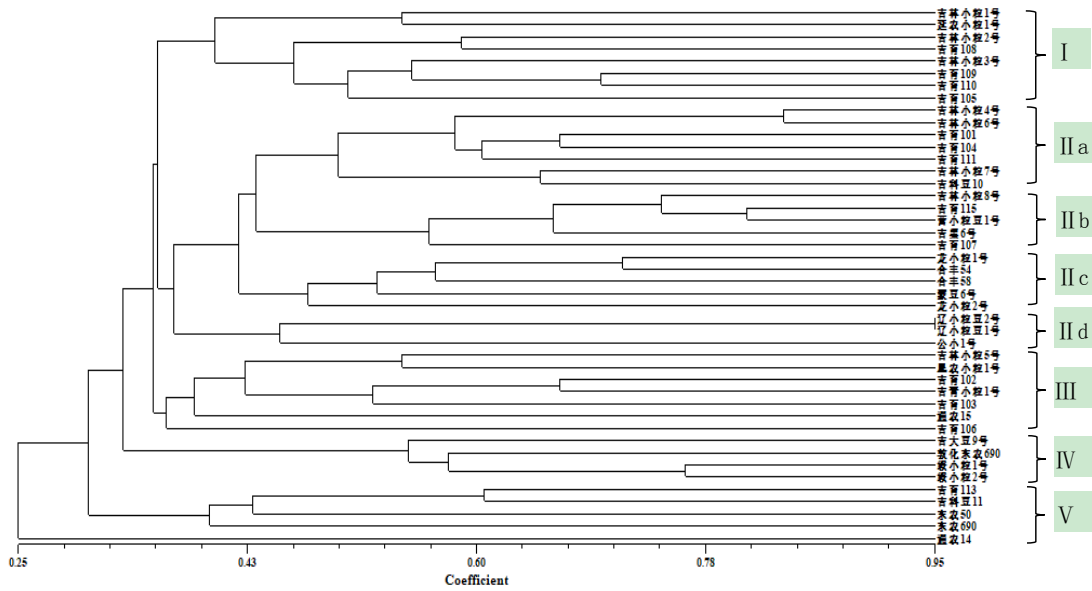


图 1 44 份小粒大豆品种(系)基于 SSR 标记聚类分析树状图

3 讨论

本研究使用的 21 对 SSR 引物平均每个位点扩增 5.5 个等位基因。Li 等^[24]用 59 个 SSR 标记对 1863 年中国大豆品种进行鉴定, 发现平均每个位点有 19.7 个等位基因; Guan 等^[8]对 205 份中国和日本大豆资源进行研究, 结果表明平均每个位点有 16.2 个等位基因^[10]; Liu 等^[25]对山西省 91 份大豆地方品种进行分析, 平均每个位点有 7.14 个等

位基因^[16]。这些研究中平均每个位点的等位基因数均高于本研究。当样本量较少时, 所检测到的等位变异数量也较少。如 Doldi 等^[26]使用 12 个微卫星引物对 18 个大豆品种进行鉴定时, 每个位点检测 2 ~ 6 个等位基因; Tantasawat 等^[27]利用 11 对 SSR 引物对 25 份大豆基因型进行分析, 平均每个位点 4.82 个等位基因^[18]。由此可见, 尽管等位基因丰富度(平均每个位点的等位基因数)是一个有效的多样性评价指标, 但它在很大程度上依赖

于样本量。因此,为了提高小粒大豆等位基因变异的丰富性,需要引入更多的小粒大豆育成或地方品种,从而增强其遗传多样性。

基于分子标记聚类分析结果与亲缘系数和表型性状的估计值相比,它的偏差更小,更能准确反映不同材料间的遗传组成。从本研究聚类分析结果中可以看出,来自黑龙江的龙小粒豆1号、龙小粒豆2号、合丰54、合丰58与来自内蒙古的蒙豆6号聚在Ⅱc类群,其中合丰54和合丰58的亲本之一为龙小粒豆1号,与郑淑波^[17]利用ISSR标记分析的结果一致。在Ⅱd类群中来自辽宁省的辽小粒豆1号和2号遗传相似系数高达0.95,亲缘关系较近,可能为姊妹系。辽小粒豆1号亲本之一为龙小粒豆1号,但与其遗传相似系数较低,可能更倾向其父本辽豆3号。在第Ⅳ类群中,来自黑龙江的绥小粒豆1号和2号含有吉林小粒1号血缘,与吉林小粒1号的遗传相似系数较低,在该群中,敦化东农690与绥小粒豆1号和2号的亲缘关系较近,而与处于第Ⅴ类群中的东农690亲缘关系较远。通农14为通农11与通化野生大豆T12杂交选育而成,含有50%野生大豆血缘,与其他小粒大豆品种(系)亲缘关系均较远。利用SSR标记对44份小粒大豆品种(系)进行分子聚类的结果,再结合育成品种(系)的系谱信息,可以为小粒大豆遗传改良提供重要参考。

在日本,生产纳豆的公司直接参与纳豆用小粒大豆的育种工作;在韩国,育种家非常重视小粒大豆芽用特性的评价;在美国,一些大学和公司同样非常重视小粒大豆品系阶段的评价工作。而在中国,育种家和纳豆加工、豆芽生产企业的结合不够紧密,有的小粒大豆品种并不符合市场需求。因此,应广泛收集国外小粒大豆品种资源,尤其是日本、韩国和美国的小粒大豆品种,拓宽我国专用小粒大豆的遗传基础。同时,应在品系或更早阶段加强纳豆加工特性和豆芽生产性能评价,使育成的小粒品种更符合市场需求。

4 结 论

本研究利用21对SSR引物分析了来自东北不同地区的44份小粒大豆品种(系)的遗传多样性。平均每个位点等位变异数5.5个。构建了44份小粒大豆品种(系)的指纹图谱,可以用于小粒大豆品种鉴定。聚类分析结果表明44份小粒大豆材料可以分为5个类群,不同来源的小粒大豆品种(系)间存在基因交流;吉林省的小粒大豆品

种(系)遗传变异较丰富,可作为小粒大豆遗传改良的重要基础材料。

参考文献:

- [1] 刘红开,康玉凡. 芽用大豆品种遗传改良研究进展[J]. 中国油料作物学报, 2011, 33(6):637-641.
- [2] Yoshikawa Y, Chen P, Zhang B, et al. Evaluation of natto soybean for agronomic and seed quality traits[J]. Journal of Crop Improvement, 2015, 29(1):40-52.
- [3] Kang B K, Kim H T, Ko J M, et al. Lodging-tolerant, high yield, mechanized-harvest adaptable and small seed soybean cultivar 'Aram' for soy-sprout[J]. Korean Journal of Breeding Science, 2019, 51(3):214-221.
- [4] Yoshikawa Y, Chen P, Zhang B, et al. Evaluation of seed chemical quality traits and sensory properties of natto soybean[J]. Food Chemistry, 2014, 153:186-192.
- [5] 花登峰,赵团结,张黎萍. 小粒专用大豆品种遗传改良研究进展[J]. 杂粮作物, 2005(5):311-313.
- [6] 宋启建. 大豆SSR分子标记的创制及其应用[J]. 大豆科学, 1999(3):248-254.
- [7] 曹永策,李曙光,张新草,等. 夏大豆重组自交系群体遗传图谱构建及开花期QTL分析[J]. 中国农业科学, 2020, 53(4):683-694.
- [8] Wang Y Q, Wei C, Ye Z, et al. Identification of two duplicated loci controlling a disease-like rugose leaf phenotype in soybean[J]. Crop Science, 2016, 56(4):1611-1618.
- [9] Liu D, Yan Y, Fujita Y, et al. A major QTL (qFT12.1) allele from wild soybean delays flowering time[J]. Molecular Breeding, 2018, 38(4):45.
- [10] 陈亮,郑宇宏,范旭红,等. 吉林省新育成大豆品种SSR指纹图谱身份证的构建[J]. 大豆科学, 2016, 35(6):896-901.
- [11] 闫哲,常汝镇,关荣霞,等. 不同来源大豆同名品种“满仓金”表现型及SSR标记的异同性分析[J]. 植物遗传资源学报, 2003(2):128-133.
- [12] 谢华,常汝镇,曹永生,等. 利用中国秋大豆(*Glycine max* (L.) Merr.)筛选SSR核心位点的研究[J]. 中国农业科学, 2003(4):360-366.
- [13] Guan R, Chang R, Li Y, et al. Genetic diversity comparison between Chinese and Japanese soybeans (*Glycine max* (L.) Merr.) revealed by nuclear SSRs[J]. Genetic Resources and Crop Evolution, 2010, 57(2):229-242.
- [14] Wang L X, Lin F Y, Li L H, et al. Genetic diversity center of cultivated soybean(*Glycine max*) in China—New insight and evidence for the diversity center of Chinese cultivated soybean[J]. Journal of Integrative Agriculture, 2016, 15(11):2481-2487.
- [15] Wang K J, Li X H, Yan M F. Genetic differentiation in relation to seed weights in wild soybean species (*Glycine soja* Sieb. & Zucc.)[J]. Plant Systematics and Evolution, 2014, 300(7):1729-1739.
- [16] Zhao H K, Wang Y M, Xing F, et al. The genetic diversity and geographic differentiation of the wild soybean in northeast China based on nuclear microsatellite variation[J]. International Jour-

- nal of Genomics, 2018, 508: 1-9.
- [17] 郑淑波. 小粒大豆芽生产性能比较及遗传多样性分析[D]. 长春:吉林农业大学, 2013.
- [18] Doyle J J, Doyle J L. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue[J]. Phytochemical Bulletin, 1987, 19:11-15.
- [19] Peakall R and Smouse P E. GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research[J]. Molecular Ecology Notes, 2006, 6:288-295.
- [20] Burnham K D, Francis D M, Dorrance A E, et al. Genetic diversity patterns among phytophthoraresistant soybean plant introductions based on SSR markers[J]. Crop Science, 2002, 42(2): 338-343.
- [21] Liu K J, Muse S V. Power Marker: an integrated analysis environment for genetic marker analysis[J]. Bioinformatics, 2005, 21(9):2128-2129.
- [22] Anderson J A, Churchill G A, Autrique J E, et al. Optimizing parental selection for genetic linkage maps[J]. Genome, 1993, 36(1):181-186.
- [23] Rohlf F J. Numerical taxonomy and multivariate analysis system. NTSYS version 2. 11a[M]. New York: Applied Biostatistics Inc, 2002: 1-35.
- [24] Li Y, Guan R, Liu Z, et al. Genetic structure and diversity of cultivated soybean (*Glycine max* (L.) Merr.) landraces in China [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2008, 117(6):857-871.
- [25] Liu M, Zhang M, Jiang W, et al. Genetic diversity of Shaanxi soybean landraces based on agronomic traits and SSR markers [J]. African Journal of Biotechnology, 2011, 10(24):4823-4837.
- [26] Doldi M L, Vollmann J, Lelley T. Genetic diversity in soybean as determined by RAPD and microsatellite analysis[J]. Plant Breeding, 1997, 116(4):331-335.
- [27] Tantasawat P, Trongchuen J, Prajongjai T, et al. SSR analysis of soybean (*Glycine max* (L.) Merr.) genetic relationship and variety identification in Thailand[J]. Australian Journal of Crop Science, 2011, 5(3):283-290.

(责任编辑:刘洪霞)



(上接第23页)大的冠层增产效果显著。

4 结 论

多效唑降低繁茂型大豆叶面积指数,增加叶片叶绿素含量、净光合速率、气孔导度和蒸腾速率,降低株高、中部节间长度,改善了通风透光条件,有效地协调后期的光合利用能力,显著增加单株粒重、百粒重,进而增加产量。收敛型大豆品种叶面积指数已经接近最适范围,使用多效唑进一步降低叶面积指数,降低株高、中部节间长度,虽然增加叶片光合速率,但单株粒重降低,反而显著减产。

参考文献:

- [1] 王 英,何语涵,许晓敏,等.外源赤霉素对大豆矮秆品系 F03 生长发育的影响[J].东北农业科学,2019,44(3):1-4.
- [2] 李新民,许忠仁,杜维广,等.亚有限大豆源库关系的研究[J].大豆科学,1991,10(4):269-276.
- [3] 贾洪涛,党金鼎,刘风莲.植物生长延缓剂多效唑的生理作用机理及应用[J].安徽农业科学,2003(2):323-324.
- [4] 韩德复.多效唑的生理作用及作用机理[J].长春师范学院学报,1996(6):37-39.
- [5] 祁 勇.夏大豆全程化控效果研究[J].现代农业科技,2018(9):139-140.
- [6] 张喜民.多效唑(PP333)对大豆增产作用和生理效应的研究[J].大豆通报,2006(2):14-15.
- [7] 郝曦煜,肖焕玉,王英杰,等.不同时期喷施不同浓度乙烯利对绿豆产量及主要性状的影响[J].东北农业科学,2021,46(1):17-19,41.
- [8] 谢甫缙,郭小红,包雪艳,等.多效唑对大豆不同叶型近等位基因系产量和品质的影响[J].大豆科学,2010,29(6):948-952.
- [9] 曾广文,朱 诚,黄 涛,等.多效唑对大豆植株光合机构和光合速率的影响[J].浙江农业大学学报,1992(3):10-14.
- [10] 赵 婧,张 伟,邱 强,等.不同时期喷施多效唑对大豆农艺及生理性状的影响[J].大豆科学,2011,30(2):211-214.
- [11] 董华兵.多效唑对江汉平原披针形大豆主要农艺性状的影响研究初报[J].南方农业,2017,11(19):31-33.
- [12] 王 浩,姜 妍,李远明,等.不同化控处理对大豆植株形态及产量的影响[J].作物杂志,2014(3):63-66.
- [13] 成华伟,李广龙,周 君,等.不同用量多效唑对滴灌大豆农艺性状与产量的影响[J].新疆农业科技,2012(5):17-18.
- [14] 张海生,李秀珍,吴聚兰,等.不同浓度多效唑对晋遗31大豆农艺性状和产量的影响[J].大豆科学,2012,31(4):688-690.
- [15] 张 伟,邱 强,赵 婧,等.不同化控调节剂对杂交大豆产量及产量相关性状的调控效应[J].作物杂志,2015(4):81-84.

(责任编辑:王 昱)