

文章编号: 1003-8701(1999)05-0003-08

中国野生大豆研究二十年

庄炳昌

(吉林省农科院农业生物技术重点开放实验室, 吉林 公主岭 136100)

摘要: 全国野生大豆考察已有 20 年了。20 年来, 我国大豆科技工作者从农艺学、生态学、品质化学、生理生化、植保、遗传育种、孢粉学、种群生态学、结构植物学和分子生物学等学科对其进行了全面系统的研究, 概述了近 10 年来该方面的主要研究进展。

关键词: 野生大豆; 研究; 中国; 二十年

中图分类号: S 565.1

文献标识码: A

野生大豆是栽培大豆的近缘祖先种, 其地理分布仅限于东亚北部地区。自 1978 年吉林省农科院率先在全国开展了野生大豆资源收集考察以来, 至今已有整整 20 年。20 年来, 我国科技工作者从农艺学、生态学、品质化学、生理生化、植保、遗传育种、孢粉学、种群生态学、结构植物学和分子生物学等学科对中国野生大豆进行了全面系统的分析, 无论在学术上还是实践上均取得了重要进展。1989 年, 徐豹^[1]曾对前 10 年我国野生大豆的研究做过综述。近 10 年来, 尤其是在国家自然科学基金的资助下, 我国科技工作者在更深的层次上对中国野生大豆进行了深入系统的研究, 取得了新的研究进展, 使我国野生大豆研究跃上了一个新的台阶。现将取得的主要研究成果综述如下, 以供参考。

1 主要研究进展

1.1 野生大豆的分布与生境

我国野生大豆的分布范围北起黑龙江省塔河县的依西肯(53°N), 南至广西的象州(24°N)和广东的英德(24°10'N), 东起黑龙江的抚远(134°20'E), 西至西藏察隅县的上察隅区(97°E)。垂直分布: 东北地区分布上限为海拔 1 300 m 左右, 黄河及长江流域上限为海拔 1 500~1 700 m, 西藏为 2 250 m, 中国野生大豆分布最高点在云南省的宁蒗县, 海拔 2 650 m。

野生大豆在我国的分布极广, 除青海、新疆及海南 3 省(自治区)外, 其它省区均有分布。其南北分布趋势是, 从两端纬度向中间逐渐增多, 尤其是 30~45°N 地区, 不但分布的种群多, 密度大, 类型也丰富。东西分布趋势受地形、地貌影响较大, 沿大兴安岭、内蒙古高原、青藏高原到云贵高原, 向东分布逐渐增多, 而向西则基本没有野生大豆。

李福山^[2]根据野生大豆的地理分布, 分析了野生大豆的生境, 发现野生大豆在整个生长周期中, 月平均气温 $\geq 20^{\circ}\text{C}$ 的月数应在 1~6 个月, 少于 1 个月和多于 6 个月的地区均没有

收稿日期: 1999-01-08

基金项目: 国家自然科学基金资助项目(39730330)

作者简介: 庄炳昌(1957-), 男, 吉林省长白县人, 吉林省农业生物技术重点开放实验室常务副主任, 研究员, 主要从事植物分子生物学研究。

野生大豆;年降水量不足 300 mm 的地区也没有野生大豆;野生大豆对土壤的选择并不严格,可在各种类型的土壤上生长,甚至在 pH 值 9.18~9.23 的条件下,也有生长良好的野生大豆。

1.2 结构植物学与孢粉学

陆静梅等^[3]对不同进化类型大豆花的结构进行了比较研究,发现野生大豆(*G. soja*)蝶形花冠中的 2 枚龙骨瓣呈分离状态,栽培大豆(*G. max*)的 2 枚龙骨瓣完全愈合成为一体。花萼结构由表皮和无规则的薄壁细胞组成,在薄壁细胞间等距分布细小的退化维管束。两种大豆花的花瓣存在明显差异。因而认为,在进化程度较高的两侧对称的蝶形花冠的大豆属中,仍然保留有原始花的结构特征。野生大豆花龙骨瓣分离的现象代表了其在系统演化过程中的保守性和原始性;栽培大豆花的龙骨瓣完全愈合为典型的两侧对称的蝶形花现象证明了其在系统演化过程中的进化结构特征。这也支持了 Goethe 提出的花是适应繁殖作用的变态枝的理论。

陆静梅等^[4]还对不同进化类型大豆茎的次生木质部结构进行了观察,发现从不同进化类型大豆茎的次生木质部结构可明显看出大豆的演化痕迹。其中野生大豆绝大多数为单管孔,复管孔很少;半野生类型具复管孔,少见多细胞的管孔链;半栽培类型中复管孔和管孔链均较多;而栽培大豆的复管孔和管孔链更多。随着大豆进化程度的提高,单列射线逐渐减少,而多列射线增多。即野生大豆木质部中单管孔和单列射线多的特征表明了其在系统演化过程中的原始地位,而栽培大豆木质部中复管孔和多列射线多的现象表明栽培大豆在系统演化过程中的较进化地位。

为了解野生大豆抗盐机理,以指导大豆抗盐育种实践,陆静梅等^[5]对采自海滩盐碱地的野生大豆进行了分析,首次在耐盐野生大豆中发现其茎叶表面具有盐腺。盐腺着生于表皮外切向壁胞间层处,层出形成,盐腺为圆球形,体积大小不等,基部有一小柄。球形盐腺直径约 21.6 μm ,柄长 1.2 μm ,泌盐孔直径约为 5.6 μm 。推测其泌盐方式可能为:幼嫩盐腺以泌盐孔泌盐,当盐腺成熟时盐腺整体破碎从而释放所积累的盐分。该研究对于大豆抗盐机理研究具有重要的参考价值。

庄炳昌等^[6,7]对大豆属植物的花粉形态进行了比较,发现不同进化类型大豆花粉存在一定的差异,尤其是花粉的纹饰结构更为明显,同时发现多倍体种的花粉大于二倍体。因此,花粉的形态特征可以作为大豆分类、进化研究的重要依据。

1.3 种群生态学研究

1.3.1 野生大豆种群内的分化

李军等^[8]对浙江金华北山南坡 3.2 km \times 4.8 km 小范围内野生大豆种群的 14 个样本进行了 6 种同工酶遗传结构及变异的研究。无论是同工酶的多样性指数还是杂合度,均可得出野生大豆小种群内存在着大量遗传分化的同一结论。聚类分析和典范分析结果表明,各样本的生化遗传结构与环境之间不存在显著的相关性。因此,认为小种群内遗传多态现象的成因是突变,而随机漂变是其分布格局的主要因素,这一结论似乎更符合中性理论的解释。鉴于遗传多态现象在野生大豆种群内的普遍性,作者建议为了避免大量遗传变异的丢失,野生大豆取样策略应是在一个地区内尽可能多地采集单株,每株只采集几个有效荚,其效果可能与在大范围内只采集几株上全部种子的取样效果相同。

1.3.2 野生大豆拟种群动态及其生态适应意义

高新华等^[9]对 5 个不同纬度来源的野生大豆、中间型大豆和栽培大豆分期播种所收集

的近 20×10^4 个数据进行了分析,发现一年生野生大豆的拟种群的 3 类动态(分节单体群动态、分枝构件群动态和主茎上分节单体群动态)均符合 Logistic 增长规律。其参数 r 与纬度呈正相关,参数 K 受环境饰变影响,拟种群动态拟合参数 r 与个体的生殖力呈正相关,证实了植物拟种群动态具有重要的生态适应意义。

1.3.3 野生大豆种子雨

种子雨是指在特定时间从母株上降落的种子量,种子雨散布量的时空变化,对植物种群动态具有重要的生物学意义。李军等^[10]对野生大豆种子雨的时空动态及其与外界天气情况的关系进行了分析。发现在野生大豆整个种子雨的历程中,出现了 3 个较为明显的炸荚和种子散落的高峰,峰的出现与天气晴朗程度(相对湿度)有关,而与气温相关性不大。野生大豆种子雨的空间分布格局主要与野生大豆种子炸荚的自身习性(炸荚弹力)和荚本身在植株上的空间分布有关,而与风向(风力 ≤ 7 级时)关系大不。

1.3.4 野生大豆种子库中的遗传多样性

种子库是指单位面积(或容积)土壤中贮存的种子量。种子库作为潜在的植物种群,在植物种群的生物史中具有十分重要的地位,并逐渐成为生态学研究的重点领域之一。李军等^[11]研究了同一样地的不同时间和不同空间土壤中野生大豆 4 种同工酶水平上的遗传多样性的时空动态,发现野生大豆种子库在同工酶水平上呈现出的遗传多样性,主要来自于由时间引起的环境异质性。在时间变化上,同一层次的多性呈现极显著的差异,在空间变化上,不同层次的多性发生不同的变化,层与层之间的差异随时间的推移而加大,而且同一层次野生大豆种子库的平均杂合度也呈现出同样的变化规律。说明在对野生大豆种子库同工酶水平上的遗传多样性的影响程度,时间比空间起着更大的作用。

1.4 分子生物学

1.4.1 rDNA ITS-I 区的研究

rDNA ITS-I 的核苷酸链长度和序列的比较研究成为探讨物种间亲缘关系标记之一,并已被成功地用于被子植物中属与种间系统发生关系图的构建。采用该区进行比较分析有如下优点:它在基因组中拷贝数高,易采用 PCR 方法从 DNA 中扩增和检出;协同进化使生物个体和种内 rDNA 中的每个拷贝之间通常都十分相似;被子植物的 ITS-I 比较小,一般不超过 700 bp,而两侧是高度保守的编码区,就使得 PCR 引物的设计和序列分析容易进行。顾京等^[12]和惠东威等^[13]对大豆属中 *Glycine* 亚属中的 10 个种和 *Soja* 亚属中的 2 个种的 24 份材料的 ITS-I 区进行了序列分析。在所测的 12 个种 24 份材料间 ITS-I 序列有高度的保守性,其中野生大豆、中间型大豆和栽培大豆之间的同源性高达 100%;而多年生野生大豆之间的同源性则明显低于 *Soja* 亚属中的两个种。根据该序列构建的种系关系图上可明显看出一年生的 *Soja* 亚属的各个种划为一组,而多年生的 *Glycine* 亚属的诸种则划入另一组,这一结果支持大豆属目前的 2 个亚属的分类格局。

从系统分类角度看,大豆属中的各个种与绿豆同属豆科,其核同源性也相对较高,其核苷酸序列间的差异仅表现为个别或几个碱基的突变,而且它们的 ITS-I 区都有 $(GGCGCG)_n$ 和 $(CCT)_n$ 两种特有的大豆重复序列。与非豆科植物相比,ITS-I 顺序中则有片段缺失、插入与置换等较大的变异。所有双子叶植物间 ITS-I 的同源性均高于单子叶植物水稻的同源性。进一步说明 ITS-I 的同源程度确实反映了物种间的系缘关系,但以此作为大豆种间进化研究其差异程度还显得不足。

1.4.2 RuBisCo 小亚基基因 rbcS 的结构比较

因 *rbcS* 在种内具有高度的保守性,而在物种间具有一定的差异特点,因而适合于不同亲缘关系植物分子进化和系统分类的研究。至今为止,已有数十种生物的 *rbcS* 结构被分析过。复旦大学曹凯鸣等^[14]和张二荃等^[15]对大豆属中 *Glycine* 亚属和 *Soja* 亚属内 10 种分布于不同纬度的大豆进行了 *rbcS* 基因结构的分析,其中 *Glycine* 亚属中的 *G. tomentella* *rbcS* 长 1069 bp, *G. tabacina* 为 1084 bp, *Soja* 亚属中的 8 份材料均为 1089 bp。它们都含有 3 个外显子,期间的 2 个内含子均插在相同的位置上。编码区翻译成 178 个氨基酸组成的前体蛋白,包括由 55 个氨基酸组成的转移肽和 123 个氨基酸的成熟肽。作者对这些基因结构进行了比较,发现 *Soja* 亚属内 8 个野生和中间型大豆的 *rbcS* 基因仅有 1~11 个核苷酸的差异,同源性高达 99.0%~99.9%,且突变大多位于内含子中,因此对结构的影响甚微。与已有的栽培大豆的 *rbcS* 相比,同源性也高达 99% 以上。野生大豆、中间型和栽培大豆 *rbcS* 基因的高度同源性为栽培大豆是由野生大豆演化而来的提供了分子生物学依据。

以 *rbcS* 基因序列为基础,构建了 *Soja* 亚属 8 个材料的系统树,发现 *rbcS* 基因的变异表现为纬度间大于同纬度不同进化型间的,因而认为野生大豆各居群间的遗传距离与纬度、物候农艺学性状有关,这也暗示着野生大豆首先在各纬度处分布,然后各自向栽培大豆演化。但野生大豆的变异中心究竟在何处? 作者又根据 *rbcS* 基因构建了不同纬度野生大豆的系统树,结果显示了野生大豆以 30~35°N 区域为中心向南北变异的趋势,认为这也许为野生大豆的发源地研究提供了参考。

将 *Soja* 亚属的野生大豆和栽培大豆与原产于我国的 *Glycine* 亚属的 *G. tomentella*、*G. tabacina* 种相比,其同源性介于 87%~90% 之间,这与 *Soja* 亚属间各个种的同源性高达 99% 以上相比,差别是十分显著的。这也说明目前在 *Glycine* 属下分成 *Glycine* 和 *Soja* 两个亚属的分类格局是恰当的。由于 *Glycine* 亚属内种间 *rbcS* 同源性小于 *Soja* 亚属内种间的,因而推测在进化过程中 *Glycine* 亚属内的种间分离早于 *Soja* 亚属内的。

另外,将大豆属植物与其它 13 种植物的 RuBisCo 小亚基氨基酸序列作同源性比较,并构建了系统发生树,可基本看出各物种的进化过程。如低等植物可明显区别于其它高等植物,单子叶的玉米也与双子叶植物较早歧化,同属豆科的菜豆和碗豆与大豆就更近一些发生歧化。这也表现利用 *rbcS* 基因进行生物的进化、分类等研究是合适的。

1.4.3 RAPD 在野生大豆分子生物学研究中的应用

由于 RAPD 技术方法简便、灵敏度高、不受环境条件和发育状况的影响,能客观地揭示供试材料间的真实差异,因此被广泛应用于遗传学研究的不同领域之中。我国大豆科技工作者利用我国丰富的野生大豆资源,应用该技术对大豆的起源和进化做了初步探讨,得到了一些有价值的结果,惠东威等^[16,17]对大豆属 12 个种的 21 份材料,庄炳昌^[18]等对我国不同纬度不同进化类型的一年生大豆进行了 RAPD 分析,发现大豆属的 *Glycine* 亚属内种间差异明显大于 *Soja* 亚属内种间的,即使是 *Glycine* 亚属内的种内差异也明显大于 *Soja* 亚属内种间的差异。野生大豆与栽培大豆之间并未发现种特异性带型,因而认为目前在分类学上将野生大豆与栽培大豆定为 2 个种是值得商榷的。这与 ITS-I 和 *rbcS* 结果相一致。

钱吉等^[19]利用 RAPD 技术进行了野生大豆种群间变异及其与环境关系的研究,发现 5 个种群之间存在较大的遗传变异,而且遗传距离与地理纬度间有一定的相关性,说明环境对种群的选择压力是种群间遗传变异的主导因素,也为分子生态研究进行了有益的尝试。

1.4.4 基因组分子标记连锁框架图的构建

遗传图谱构建是基因组研究中的重要环节,可为基因定位与克隆及基因组结构与功能

研究奠定基础。张德水等^[20~22]在对 8 个栽培大豆和 1 个半野生大豆间的 RFLP 多态性分析的基础上,选择多态性比较丰富的栽培大豆品种长农 4 和半野生大豆新民 6 为亲本的 F₂ 群体,构建了我国第一张大豆 RFLP 图谱。该图谱包含 64 个 RFLP 标记和 18 个 RAPD 标记,其中 6 个标记揭示 2 个或 2 个以上的独立分离位点,因此 RFLP 标记的位点共计为 75 个。在这些位点中表现共显性的有 58 个,显性分离的 17 个。该图谱包括 20 个连锁群,覆盖大豆基因组的长度为 1 446.8 cM,在图上可明确定位的有 71 个标记位点,标记间的平均间距为 20.4 cM。另外有 12 个 RFLP 和 10 个 RAPD 位点独立于连锁群之外。发现的揭示 2 个或 2 个以上独立分离位点的 6 个 RFLP 标记可能与大豆为四倍体起源有关。

1.5 遗传多样性

徐豹等^[23~25]和庄炳昌等^[26]对中国所有野生大豆进行了多样性及其分布的系统分析,不仅可以为野生大豆在大豆品种改良中的应用提供实验依据,还可供大豆的起源、演化等研究参考。

1.5.1 品质性状

我国野生大豆中百粒重小于 2.5 g 的典型野生大豆的蛋白质平均含量为 45.59%,脂肪平均含量为 9.23%;百粒重在 2.51~5.0 g 的半野生大豆 I 型的蛋白质平均含量为 44.58%,脂肪平均含量为 13.01%;百粒重大于 5.1 g 的半野生大豆 II 型的蛋白质平均含量为 43.96%,脂肪平均含量为 15.23%,且有随着子粒的增大蛋白质含量逐渐降低,脂肪含量逐渐升高的趋势。野生大豆蛋白质含量与原产地纬度呈正相关($r=0.8533^{**}$),高区位于东北的中南部地区和长江流域,脂肪含量的地理分布趋势与蛋白质含量相反,高区位于 34~39°N 地区。

1.5.2 茎叶性状

中国野生大豆主茎不明显,蔓生型为主,叶形以卵圆形和椭圆形为主,茸毛色以棕色为主。并发现野生大豆茎叶性状与子粒大小有关,随着大豆百粒重的增加,主茎明显,卵圆形和灰茸毛基因型所占的比例明显增加。

1.5.3 子粒性状

中国野生大豆资源 81.1% 的材料中百粒重 ≤ 2.5 g,粒色以黑色(69.1%)为主,89.3% 的材料有泥膜,57.5% 的材料为黑色种脐。随着子粒的增大,进化程度较高的非黑色、无泥膜子粒的基因型比例逐渐增大,从中可以看出大豆的演化痕迹。

通过上述中国野生大豆多样性的综合分析,取得以下结果:①建议以百粒重 2.5 g 作为野生型和中间型划分指标。②鉴于黄河流域和东北的东南部地区是我国野生大豆的两个变异中心的现象,认为该两个中心可能为大豆的起源地。

1.6 野生大豆的综合评价与利用

1.6.1 资源的评价

对野生大豆进行全面的评价是有效利用野生大豆资源的基础。徐豹等^[27,28]经过重复测定,从中国野生大豆中筛选出蛋白质含量高于 53% 的种质 5 份,最高的为 53.78%;含硫氨基酸高于 3 g/16 g N 的优质种质 5 份,最高的一份达 3.25 g/16 g N;11S/7S 比例高达 4.4 的种质 1 份;亚麻酸含量 23.12%,亚油酸含量 61.24% 的优异种质各 1 份。杨光宇等^[29]从吉林、黑龙江、河北、山西、陕西等省野生大豆资源中筛选出单株荚数 3 000 个以上,最高达 3 500 个以上,单株粒数 6 000 个以上的丰产种质 3 份。庄炳昌等^[30]在海滨盐碱地上高盐胁迫下经过 2 年的重复鉴定,筛选出耐盐性强、耐盐能力持久的种质 5 份。孙永吉等^[31]在总

结出适合于野生大豆抗花叶病毒病的鉴定方法、抗性级别划分的基础上,从 800 余份野生大豆中筛选出成株抗病种质 2 份,子粒传毒率稳定表现为零的种质 5 份。岳德荣等^[32]经过田间初选和 2 年网室接虫鉴定,从近 1 000 份野生大豆中筛选出高抗蚜种质 3 份,其抗蚜性远远高于在栽培大豆中所发现的抗蚜性最强的材料。以上特异野生大豆种质的发现说明野生大豆中蕴藏着丰富的变异类型,这些资源的发掘也为大豆品质、丰产和抗性育种提供了新的基因源。

1.6.2 种间杂交性状的遗传

了解种间杂交性状的遗传规律对于野生大豆的利用具有指导意义。种间杂交后代花色受一对基因控制。茸毛色 F_2 代呈 3:1 分离,有的组合分离呈 13(棕毛):3(灰毛)分离,且后代棕毛出现由浅到深的过渡颜色。脐色有的组合受单基因控制,有的组合则表现出两对基因的差异^[33]。泥膜有无的分离比较复杂,有 1 对基因、2 对基因及 2 对基因加抑制基因 3 种方式(杨光宇等,未发表资料)。结荚习性受 3 对基因控制,而且有相互抑制基因存在。蔓生性是一个数量性状,主要取决于蔓生亲本的蔓生性强弱^[34,35]。生化性状中,SODb1b2 谱带的有无受一对互为显隐性的主效基因控制,C 区的变异受两个位于同一位点的共显性基因控制^[36]。多酚氧化酶(MOD)和细胞色素氧化酶(COD)的有无均为单基因的质量遗传(缺失为隐性)。正己醛含量属数量性状, F_1 主要表现为正向部分显性,也有正向超亲组合。低聚糖(蔗糖和棉子糖)含量属于数量性状, F_1 代主要表现为负向部分显性, F_2 代群体分离较大,对该性状的选择应在 F_3 代以后^[37]。

1.6.3 野生大豆育种应用技术

野生大豆虽然具有蛋白质含量高、多花多荚和抗逆性强等遗传潜势,但由于其蔓生性、小粒性等不利基因与有利基因间存在着较紧密的连锁,给野生大豆的利用带来了一定的困难。因此,野生大豆育种应用技术引起了广泛的关注。目前已从亲本的选配^[38]、 F_2 代及以后世代性状的选择技术^[38]、回交改良技术^[40,41]等方面建立了一套比较完善的技术体系。利用该技术体系杨光宇等^[42]已成功地选育出一批具有一定产量水平、直立型或半直立型的高蛋白系和单株荚数多的丰产品系。李福山等(未发表资料)和姚振纯等^[43]也已利用野生种选育出了蛋白质含量 48% 以上,具有一定产量水平的栽培类型品系。有些品系已参加区域试验,并表现出了较高的丰产潜力。

总之,20 年的研究实践已证明,利用野生大豆拓宽大豆的遗传基础是有效的,改良栽培大豆是可行的,所创造出的高蛋白、产量突出的中间材料或品系,不但丰富了大豆基因库,而且具有遗传基础和变异丰富的特点。野生大豆的利用必将加大大豆育种的遗传基础,改变大豆遗传基础狭窄的被动局面,给大豆育种注入新的活力,并带来突破性的进展。

2 今后我国野生大豆研究的几点建议

2.1 野生大豆的补充考察与收集

野生大豆种群生态学研究结果表明,野生大豆小种群内存在着丰富的遗传变异。而过去我国野生大豆资源的收集与考察只注重了地理分布,但对于种群内的遗传多样性注意不够,很可能有些遗传变异没有收集到。因此,进行野生大豆资源的补充考察与收集,尤其是小种群的收集,对于保存野生大豆丰富的遗传多态性显得非常必要,建议有关部门应积极支持并组织有关研究。

2.2 野生大豆“核心种质”的构建

我国具有丰富的野生大豆资源,但这也给野生大豆资源的保存、管理及研究带来了一定的难度。因此,有必要建立一个能真实反映我国野生大豆群体遗传背景的“核心种质”群体,供大豆科技工作者研究与利用。

2.3 野生大豆优异种质的筛选与评价

过去我们虽然开展了大量有益的研究,从野生大豆中筛选出了一大批优异种质,但从野生大豆利用的角度考虑还显得不够。一是筛选的种质不够全面,很多重要性状的筛选与鉴定工作只集中在部分野生大豆种质之中,很多种质还没有开展此方面的研究;二是鉴定的性状不够全面,有很多重要的经济性状鉴定工作还没有开展,如抗病虫、抗逆境、耐低营养因子和异黄酮含量等。

2.4 野生大豆优异基因的遗传分析及分子标记

这方面的研究对于指导野生大豆在大豆遗传改良中的应用、特异基因的克隆具有重要的意义。

参 考 文 献

- [1] 徐 豹. 中国野生大豆研究十年[J]. 吉林农业科学, 1989(1): 1—9.
- [2] 李福山. 中国野生大豆资源的地理分布及生态分化研究[J]. 中国农业科学, 1993, 26(2): 47—55.
- [3] 陆静梅, 等. 不同进化型大豆花的结构研究[J]. 应用生态学报, 1997, 8(4): 377—380.
- [4] 陆静梅, 等. 大豆属植物茎的次生木质部结构研究[J]. 应用生态学报, 1998, 9(1): 27—31.
- [5] 陆静梅, 等. 中国野生大豆盐腺的发现[J]. 科学通报, 1998, 43(19): 2074—2078.
- [6] 庄炳昌, 等. 大豆属 *Glycine* 亚属植物花粉形态研究[J]. 作物学报, 1996, 22(2): 279—283.
- [7] 庄炳昌, 等. 大豆属 *Soja* 亚属植物花粉形态的比较观察[J]. 作物学报, 1997, 23(1): 111—113.
- [8] 李 军, 等. 同工酶水平上野生大豆种群内分化的研究[J]. 植物学报, 1995, 37(9): 669—676.
- [9] 高新华, 等. 不同纬度来源的野生大豆拟种群动态参数及其生态适应意义[J]. 应用生态学报, 1996, 7(3): 255—261.
- [10] 李 军, 等. 野生大豆种子雨的研究[J]. 应用生态学报, 1997, 8(4): 372—376.
- [11] 李 军, 等. 野生大豆种子库中同工酶水平的遗传多样性的初步研究[J]. 应用生态学报, 1998, 9(2): 145—149.
- [12] 顾 京, 等. 野生大豆与栽培大豆 rDNA ITS I 区的研究[J]. 植物学报, 1994, 36: 759—764.
- [13] 惠东威, 等. 利用 rDNA 基因 ITS-I 序列构建的大豆属 (*Glycine*) 12 个种系关系[J]. 中国科学(C 辑), 1997, 27(4): 327—333.
- [14] 曹凯鸣, 等. 野生大豆 *rbcS* 基因的克隆及结构分析[J]. 植物学报, 1996, 38(9): 753—765.
- [15] 张二荃, 等. 细茎大豆 (*G. gracilis*) *rbcS* 基因结构与分子进化分析[J]. 复旦学报(自然科学版), 1998, 37(2): 151—156.
- [16] Hui Dong-wei, et al. Study on systematics in *Glycine* with RAPD fingerprinting[J]. Chinese Science Bulletin, 1994, 39(9): 766—771.
- [17] 惠东威, 等. RAPD 重建的大豆属植物的亲缘关系[J]. 遗传学报, 1996, 23(6): 460—468.
- [18] 庄炳昌, 等. 中国不同纬度不同进化类型大豆的 RAPD 分析[J]. 科学通报, 1994, 39(23): 2178—2180.
- [19] 钱 吉, 等. 不同纬度野生大豆种群间的遗传变异[J]. 复旦学报, 1998, 37(2): 208.
- [20] 张德水, 等. 用栽培大豆与半野生大豆间的杂种 F₂ 群体构建基因组分子标记连锁框架图[J]. 科学通报, 1997, 42(12): 1326—1330.
- [21] 张德水, 等. 栽培大豆与半野生大豆杂种 F₂ 群体中 RFLP 标记的偏分离及其形成原因的分析[J]. 遗传学报, 1997, 24(4): 362—367.
- [22] 张德水, 等. 大豆品种间 DNA 限制性片段长度多态性(RFLP)的分析[J]. 作物学报, 1998, 24(4): 486—490.
- [23] 徐 豹, 等. 中国野生大豆 (*G. soja*) 子粒性状的遗传多样性及其地理分布[J]. 作物学报, 1995, 21(6): 733—739.
- [24] 徐 豹, 等. 中国野生大豆脂肪含量的多态性及其地理分布[J]. 大豆科学, 1993, 12: 269—274.
- [25] Xu Bao, et al. Polymorphism and geographical distribution of protein content of wild soybean (*Glycine soja*) in China [J]. FAO/IBPGR Plant Genetic Resources Newsletter, 1993, 94/95: 1—3.

- [26] 庄炳昌,等. 中国野生大豆 (*Glycine soja*) 茎叶性状的多态性及其地理分布[J]. 作物学报, 1996, 22(5): 583-586.
- [27] 徐 豹,等. 野生大豆的高含硫氨基酸种质[J]. 大豆科学, 1993, 12(3): 265-266.
- [28] 徐 豹,等. 中国野生大豆 (*G. soja*) 脂肪及其脂肪酸组成的研究[J]. 吉林农业科学, 1993, 2, 1-6.
- [29] 杨光宇,等. 克服种间杂种蔓生、小粒等不良性状技术的初步研究[J]. 大豆科学, 1993, 12(4): 275-282.
- [30] 庄炳昌,等. 东北大豆种质资源拓宽与改良[M]. 哈尔滨: 黑龙江科技出版社, 215-217.
- [31] 孙永吉,等. 野生大豆抗花叶病毒研究[J]. 大豆科学, 1991, 10(3): 212-216.
- [32] 岳德荣,等. 野生大豆 (*G. soja*) 抗蚜研究 I. 抗源筛选[J]. 吉林农业科学, 1988(3): 15-19.
- [33] 李 莹. 大豆种间杂交后代质量性状的遗传变异[J]. 华北农学报, 1991, 4: 36-42.
- [34] 张国栋,等. 大豆种子泥膜、蔓生性和种皮的遗传及其与蛋白质含量的关系[J]. 大豆科学, 1989, 8(4): 315-321.
- [35] 杨光宇,等. 大豆种间杂交优势 F₁ 代的初步研究[J]. 中国油料, 1992, 1: 15-18.
- [36] 庄炳昌,等. 大豆生化遗传研究 I. 超氧化物歧化酶谱型 I 和谱型 III 的遗传[J]. 作物学报, 1992, 18(2): 126-131.
- [37] 秦志伟. 大豆种间杂交后代生化性状遗传与相关研究[D]. 东北农业大学博士学位论文, 1995.
- [38] 杨光宇,等. 不同类型栽培大豆亲本对种间杂种后代影响的研究[J]. 中国科学, 1993, 12(2): 137-145.
- [39] 杨光宇,等. 利用野生大豆 (*G. soja*) 种质选育大豆新品种研究[J]. 中国农业科学, 1991, 24(1): 89-90.
- [40] 李文滨,等. 大豆种间杂交后代自交与回交群体数量性状的遗传分析[J]. 大豆科学, 1990, 9(2): 89-102.
- [41] 杨 棋,等. 三种不同类型大豆及其杂种后代主要农艺性状的配合力分析[J]. 作物学报, 1994, 20(4): 481-488.
- [42] 杨光宇,等. 野生大豆直接利用技术研究[J]. 中国农业科学, 1996, 29(5): 95-96.
- [43] 姚振纯,等. 大豆优异种间杂交新种质选育进展[J]. 大豆科学, 1991, 12(3): 196.

Researches on Wild Soybean (*Glycine soja*) in China for Twenty Years

ZHUANG Bing-chang

(Provincial Key Lab. on Agro-Biotechnology, Gongzhuling 136100 China)

Abstract: There were many researches have been made in the aspects of agronomy, ecology, seed quality physiology, biochemistry, plant protection, genetics and breeding, population ecology, structural botany, molecular biology, and got a great progress in China since 1980. The important progresses was as follows: 1. The distribution and the limited environmental factors have been analyzed for the wild soybean, and found that the wild soybean could grown well when the month number of average temperature $\geq 20^{\circ}\text{C}$ was between 1-6, and the precipitation was higher than 300mm. 2. The flower structure and the secondary xylem of stem was correlated closely with the evolution process of soybean. 3. Both isozymic analysis and molecular biology study revealed that there were high genetic variation existed in the populations of wild soybean. The metapopulation dynamics of all three kinds of structural units could be simulated with logistic model, the parameter r is positively correlated, and K is affected by environmental modification. There were three peaks in the course of exploding and seed dispersing, which was related to the relative humidity. 4. The genes of *IT S-I* and *rbcS* of some species in genus *Glycine* have been sequenced, and the relationship between these genes structure and evolution was analyzed and discussed. A linkage map was constructed. 5. The genetic model of some important characters of interspecies for the usage of wild soybean provided. 6. Some useful genotypes have been found in wild soybean germplasm.

Key words: *Glycine soja*; Research; China; Twenty years