

68 个大豆品种(系)遗传多样性分析

白志元¹ 杨玉花¹ 武国平² 卫一超³ 张瑞军^{1*}

- (1. 山西省农业科学院 农作物品种资源研究所/农业农村部黄土高原作物基因资源与种质创制重点实验室/
杂粮种质资源发掘与遗传改良山西省重点实验室,太原 030031;
2. 山西省农业科学院 园艺研究所,太原 030031;
3. 山西省农业科学院 农业资源与经济研究所,太原 030031)

摘 要 为保持大豆杂种优势利用中亲本的遗传差异,利用 64 对 SSR 引物对 68 个大豆品种(系)包括 53 个中国品种(系)和 15 个美国品种进行遗传多样性与亲缘关系分析。结果表明,共检测到 375 个等位基因变异,平均每个位点检测到的等位变异数为 5.86 个,变化范围为 2~12 个,其中 53 个中国品种(系)检测到 373 个等位基因变异,平均为 5.83 个,变化范围为 2~12 个,15 个美国品种检测到 288 个等位基因变异,平均为 4.50 个,变化范围为 2~9 个;总的位点多态性信息含量(PIC)变化范围为 0.366~0.900,平均为 0.677,其中 53 个中国品种(系)变化范围为 0.370~0.909,平均为 0.682,15 个美国品种变化范围为 0.309~0.817,平均为 0.590。聚类分析表明:68 个大豆品种(系)的遗传相似系数(GS)变幅为 0.529~0.973,平均 GS 值 0.707,在相似系数 0.65 处,可将供试的品种(系)聚为 2 大类,第 II 类在相似系数 0.69 处又可分为 5 个亚类。

关键词 大豆; SSR 标记; 遗传多样性; 聚类分析; 亲缘关系

中图分类号 S565.1

文章编号 1007-4333(2019)03-0017-08

文献标志码 A

Genetic diversity analysis of 68 soybean varieties

BAI Zhiyuan¹, YANG Yuhua¹, WU Guoping², WEI Yichao³, ZHANG Ruijun^{1*}

- (1. Institute of Crop Germplasm Resources/Key Laboratory of Crop Gene Resources and Germplasm Enhancement on Loess Plateau of Ministry of Agriculture Rural Affairs/Shanxi Key Laboratory of Genetic Resources and Genetic Improvement of Minor Crops, Shanxi Academy of Agricultural Sciences, Taiyuan 030031, China;
2. Institute of Horticulture, Shanxi Academy of Agricultural Sciences, Taiyuan 030031, China;
3. Institute of Agricultural Resources and Economy, Shanxi Academy of Agricultural Sciences, Taiyuan 030031, China)

Abstract In order to maintain the genetic differences of parents in the utilization of soybean heterosis, 64 pairs of SSR primers were used to analyze the genetic diversities and genetic relationships of 68 soybean varieties (lines), including 53 Chinese varieties (lines) and 15 American varieties. The results showed that: A total of 375 allele variations were detected, with an average of 5.86 alleles per locus, ranging from 2 to 12. Among them, 373 allele variations were detected in 53 Chinese varieties (lines) with an average of 5.83, ranging from 2 to 12, and 288 allele variations were detected in 15 American varieties with an average of 4.50, ranging from 2 to 9. The PIC of polymorphism information content ranged from 0.366 to 0.900, with an average of 0.677. Among them, 53 Chinese varieties (lines) ranged from 0.370 to 0.909, with an average of 0.682, and 15 American varieties ranged from 0.309 to 0.817, with an average of 0.590. The results of cluster analysis showed that the genetic similarity coefficient (GS) of 68 soybean varieties (lines) varied from 0.529 to 0.973, with an average GS value of 0.707. In conclusion, at the similarity coefficient of 0.65, the tested varieties (lines) could be clustered into two groups, of which the second group could be divided into

收稿日期: 2019-04-16

基金项目: 国家重点研发计划(2016YFD0101500,2016YFD0101504);山西省重点研发计划(201603D21101);山西省农业科学院生物育种工程(17YZGC102)

第一作者: 白志元,助理研究员,主要从事大豆杂种优势利用研究,E-mail:bzy923@163.com

通讯作者: 张瑞军,副研究员,主要从事大豆杂种优势利用研究,E-mail:zrj013835@163.com

five subgroups at the similarity coefficient of 0.69.

Keywords soybean; SSR marker; genetic diversity; cluster analysis; genetic relationship

大豆起源于中国,已有五千多年的种植历史,是人类食用植物性优质蛋白质和植物油的重要来源^[1]。2011—2017年,中国大豆总进口量逐年递增,严重影响着中国大豆产业的可持续发展,造成当前局面主要原因是中国大豆单产较低,种植效益低,引起农民种植大豆的积极性不高。杂种优势现象在生物界普遍存在,自花授粉作物水稻和谷子等已利用杂种优势大幅度提高了产量^[2-4]。相对上述作物来说,大豆杂种优势利用研究相对滞后^[5],然而,中国在大豆杂种优势利用领域处于世界领先水平,多家单位实现了三系(不育系、保持系和恢复系)配套,审定了多个杂交大豆品种^[6-8]。本课题组在大豆杂种优势利用中也进行了有效的突破,审定了山西省首个杂交大豆品种—‘晋豆48号’^[9],筛选得到一批三系材料^[10]。为了能更好地选育出强优势组合,亲本材料的改良显得尤为重要,杂交育种研究表明,亲本的亲缘关系对杂种优势有着重要的影响^[11]。基于此,有必要在三系亲本改良中有目的地使其遗传差异和亲缘关系保持一定的距离。开展品种间遗传多样性的研究,检测其遗传背景,明确品种间的亲缘关系,可对大豆杂种优势的应用提供重要的参考依据。

SSR标记具有简单快速、稳定性好、多态性高、而且呈共显性遗传等优点,被广泛应用于大豆种质资源遗传多样性研究^[12-15]。然而,应用SSR对杂交大豆育种中亲本改良方面的研究鲜有报道。本研究选用64对覆盖大豆20条染色体的SSR标记,对本课题组的68个大豆品种(系)进行遗传多样性分析,旨在明确其间的遗传差异及亲缘关系,以期对山西省三系杂交大豆育种中三系亲本的遗传改良提供理论参考。

1 材料与方法

1.1 供试材料

选用山西省农业科学院农作物品种资源研究所大豆杂优课题组征集的68个大豆品种(系)作供试材料(表1),其中,序号1~53为中国品种(系),54~68为美国品种。

1.2 基因组DNA的提取

取大豆幼嫩叶片,在液氮中研磨后,采用CTAB^[16]法提取基因组DNA,采用紫外分光光度仪

检测DNA质量及浓度。

1.3 引物、扩增与产物检测

根据公布的SSR标记信息(<http://www.soybase.org/>),选用分布在大豆20条染色体上的64对SSR引物(表2)进行分析,引物由上海生工生物工程技术服务有限公司合成。

采用10 μL反应体系,其中:0.5 μL dNTP (2.5 mmol/L),2 μL Primer (10 μmol/L),1 μL 10×PCR buffer,0.1 μL Taq Polymerase (5 U/μL),5 μL 模板DNA (10 ng/μL),1.4 μL ddH₂O。PCR反应程序为:94℃ 5 min;94℃ 1 min,温度退火30 s,72℃ 30 s,34个循环;72℃ 10 min;4℃ 保存。每对SSR引物具有特定的退火温度,根据实际T_m值设定引物适合的退火温度,其他程序不变。PCR扩增产物经8%变性聚丙烯酰胺凝胶电泳分离、银染、拍照记录。

1.4 数据的统计分析

根据SSR电泳银染结果统计数据,在相同的迁移位置,有扩增条带赋值为“1”,无条带赋值为“0”。SSR引物位点的多态性信息量PIC(Polymorphism information content),计算公式为:

$$PIC = 1 - \sum_{j=1}^n p_{ij}^2$$

式中:PIC表示位点*i*的PIC值,*p_{ij}*表示位点*i*的第*j*个等位位点出现的频率。材料间的遗传相似系数(Genetic similarity,GS)按Nei等^[17]的方法计算。根据GS值,以不加权重对算术平均法(UPGMA)进行遗传相似性聚类。统计分析在NTSYS-PC 2.1软件系统下进行。

2 结果与分析

2.1 SSR标记的多态性分析

本研究用分布于大豆20条染色体的64对SSR标记对68个大豆品种(系)包括53个中国品种(系)和15个美国品种进行扩增。表2可见,共检测到375个等位基因变异,平均每个位点检测到的等位变异数为5.86个,变化范围为2.00~12.00个。位点的多态性信息含量(PIC)变化范围为0.366~0.900,平均为0.677,其中,引物Satt380最高,为0.900,引物Satt211最低,为0.366。

表 1 供试大豆品种(系)名称
Table 1 The name of tested soybean varieties (lines)

序号 No.	名称 Name	品种(系) Variety (line)	序号 No.	名称 Name	品种(系) Variety (line)	序号 No.	名称 Name	品种(系) Variety (line)
1	晋遗 20	品种	24	徐 0801	品系	47	征 3	品系
2	晋遗 30	品种	25	徐豆 13	品种	48	征 07	品系
3	晋遗 34	品种	26	徐豆 15	品种	49	征 10	品系
4	晋豆 19	品种	27	潍科 8 号	品种	50	征 19	品系
5	晋豆 24	品种	28	淮豆 267	品系	51	征 21	品系
6	晋豆 25	品种	29	郑州 126	品系	52	征 46	品系
7	晋豆 35	品种	30	中豆 20	品种	53	H3	品系
8	晋豆 59	品种	31	中豆 40	品种	54	pella	品种
9	晋大 78	品种	32	中作 045387	品系	55	Union	品种
10	汾豆 93	品种	33	中作 06818	品系	56	Ina	品种
11	冀豆 17	品种	34	中黄 13	品种	57	General	品种
12	邯豆 6 号	品种	35	中黄 37	品种	58	Omaha	品种
13	邯豆 9 号	品种	36	诱处 30	品种	59	Jim	品种
14	鲁豆 11	品种	37	科 9302	品种	60	Darby	品种
15	鲁 96150	品种	38	阜 97211-76	品种	61	Emerald	品种
16	鲁 99011	品系	39	阜 9721-6	品系	62	Rend	品种
17	山宁 16	品种	40	远育 6 号	品种	63	Newton	品种
18	临豆 10 号	品种	41	周豆 11	品种	64	Amsoy	品种
19	临 9909	品系	42	皖豆 28	品种	65	Spry	品种
20	荷豆 12	品种	43	铁丰 31	品种	66	Defiance	品种
21	荷豆 18	品种	44	铁丰 61	品系	67	Clark	品种
22	济 4103	品系	45	莹豆 812-04	品系	68	Avery	品种
23	徐 0705	品系	46	征 1	品系			

表 3 可见,53 个中国品种(系)共检测出 373 个等位变异,平均每个位点检测到的等位变异数为 5.83 个,变化范围为 2.00~12.00 个,其中,引物 Satt380 和 Satt358 这 2 对等位变异数最多,均为 12 个,引物 Satt211 和 Satt684 这 2 对等位变异数最少,为 2 个;位点的多态性信息含量(PIC)变化范围为 0.370~0.909,平均为 0.682,引物 Satt380 最高,为 0.909,引物 Satt211 最低,为 0.370。15 个美国品种共检测到 288 个等位变异,平均每个位点检测到的等位变异数为 4.50 个,变化范围为 2.00~9.00 个,其中,有 10 对引物的等位变异数为 2 个,Satt380 等位变异数最多,为 9 个;位点的多态性信息含量(PIC)变化范围为 0.309~0.817,平均为 0.590,引物 Satt266 最高,为 0.817,引物 Satt460,Satt511 最低,为 0.309。

表 2 64 对 SSR 引物及所在连锁群、等位变异数和 PIC 值

Table 2 Linkage groups, amplified allele numbers and PIC value of 64 SSR primers

引物名称	连锁群	等位变异数		引物名称	连锁群	等位变异数	
Primer	Linkage	Allele	PIC	Primer	Linkage	Allele	PIC
name	group	number		name	group	number	
Satt211	A1	2	0.366	Satt163	G	6	0.713
Satt511	A1	4	0.599	Satt610	G	4	0.630
Satt684	A1	3	0.394	Sat_143	G	6	0.640
Satt545	A1	11	0.843	Sat_290	G	6	0.721
Sat_138	A2	8	0.760	Sat_216	H	3	0.481
Satt329	A2	6	0.772	Sat_218	H	9	0.830
Satt597	B1	4	0.621	Satt192	H	6	0.703
Sat_272	B1	3	0.492	Sat_214	H	5	0.717
Satt126	B2	7	0.786	Satt127	I	6	0.712
Satt272	B2	5	0.739	Satt148	I	7	0.833
Satt524	C1	3	0.397	Satt650	I	4	0.537
Satt565	C1	5	0.688	Satt292	I	9	0.833
Satt646	C1	5	0.639	Satt380	J	12	0.900
Sat_336	C2	5	0.683	Satt249	J	6	0.784
Satt286	C2	7	0.764	Satt654	J	6	0.699
Satt460	C2	4	0.578	Satt102	K	6	0.733
Satt640	C2	6	0.724	Satt527	L	5	0.524
Satt184	D1a	3	0.570	Satt238	L	6	0.605
Satt198	D1a	3	0.556	Satt481	L	4	0.701
Satt482	D1a	4	0.417	Satt495	L	4	0.703
Satt216	D1b	3	0.552	Satt613	L	6	0.557
Satt266	D1b	8	0.841	Satt220	M	4	0.647
Satt514	D2	10	0.806	Satt551	M	6	0.775
Sat_296	D2	6	0.780	Satt567	M	8	0.794
Satt213	E	4	0.475	Satt175	M	8	0.821
Satt553	E	9	0.856	Satt022	N	7	0.806
Satt602	E	4	0.683	Satt387	N	4	0.690
Satt716	E	6	0.438	Satt530	N	7	0.807
Satt362	F	8	0.815	Sat_379	N	5	0.628
Satt522	F	3	0.430	Satt358	O	12	0.799
Satt325	F	6	0.757	Satt563	O	9	0.771
Satt659	F	7	0.678	Sat_318	O	7	0.762

注:PIC,多态性信息量。下同。

Note: PIC, polymorphism information content. The same blow.

表 3 64 对 SSR 引物分别在 53 个中国品种(系)、15 个美国品种中等位变异数和 PIC 值

Table 3 Allele numbers and PIC value of 64 SSR primers in 53 Chinese varieties (lines) and 15 American varieties

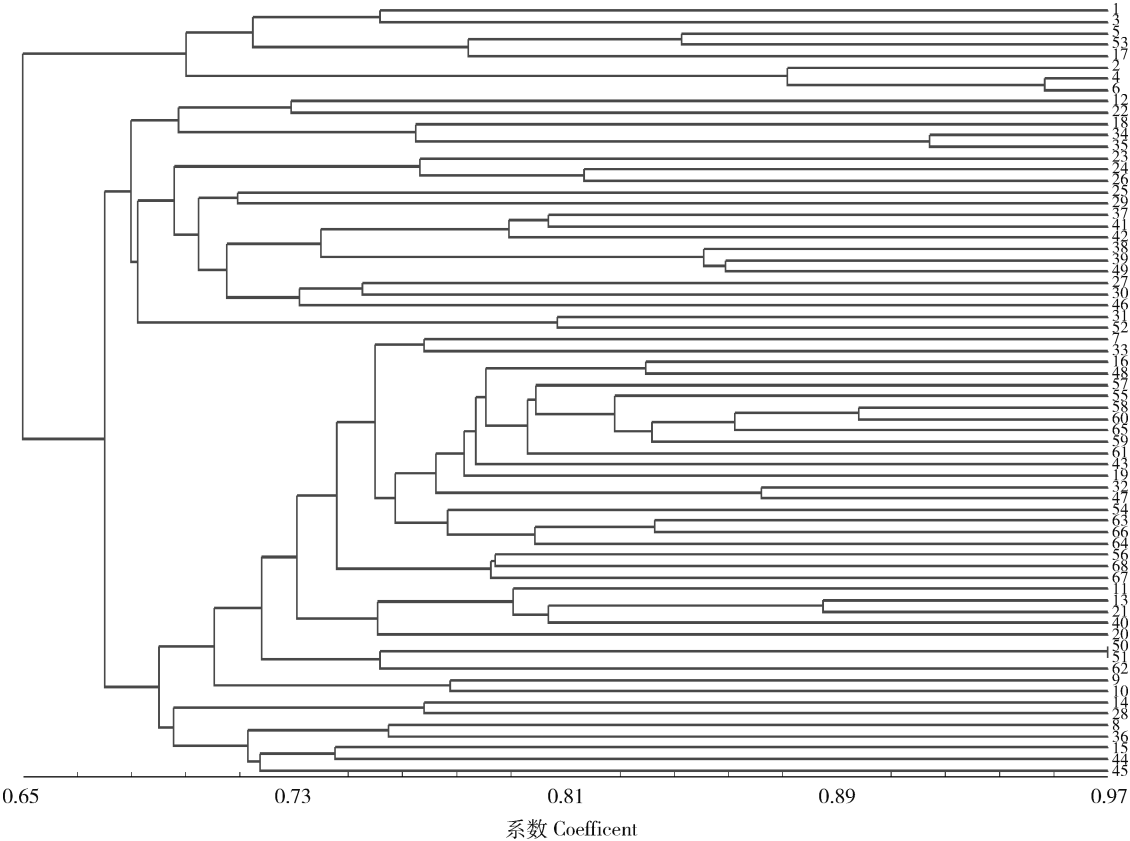
等位变异数 (中国品种/系)					等位变异数 (美国品种)				
引物 名称 Primer name	Allele number (Chinese varieties/ lines)	PIC	Allele number (American varieties)	PIC	引物 名称 Primer name	Allele number (Chinese varieties/ lines)	PIC	Allele number (American varieties)	PIC
Satt211	2	0.370	2	0.335	Satt163	6	0.707	4	0.596
Satt511	4	0.620	3	0.309	Satt610	4	0.658	4	0.465
Satt684	2	0.374	3	0.440	Sat_143	6	0.666	2	0.346
Satt545	11	0.837	7	0.804	Sat_290	5	0.713	5	0.663
Sat_138	8	0.790	5	0.542	Sat_216	3	0.546	3	0.548
Satt329	6	0.782	6	0.677	Sat_218	9	0.833	8	0.795
Satt597	4	0.638	4	0.538	Satt192	6	0.726	3	0.593
Sat_272	5	0.741	5	0.692	Sat_214	5	0.713	4	0.538
Satt126	7	0.798	6	0.645	Satt127	6	0.709	5	0.723
Satt272	3	0.492	3	0.492	Satt148	7	0.834	6	0.736
Satt524	3	0.403	2	0.375	Satt650	4	0.572	2	0.375
Satt565	5	0.693	5	0.669	Satt292	9	0.851	5	0.632
Satt646	5	0.561	4	0.692	Satt380	12	0.909	9	0.746
Sat_336	5	0.697	5	0.597	Satt249	6	0.775	6	0.738
Satt286	7	0.781	5	0.648	Satt654	6	0.724	5	0.568
Satt460	4	0.557	3	0.309	Satt102	6	0.751	5	0.582
Satt640	6	0.736	2	0.375	Satt527	5	0.547	3	0.421
Satt184	3	0.576	3	0.535	Satt238	6	0.646	2	0.375
Satt198	3	0.556	3	0.535	Satt481	4	0.703	4	0.671
Satt482	4	0.428	2	0.375	Satt495	4	0.699	4	0.680
Satt216	3	0.486	3	0.415	Satt613	6	0.597	2	0.375
Satt266	8	0.824	8	0.817	Satt220	4	0.648	4	0.640
Satt514	10	0.781	6	0.738	Satt551	6	0.760	6	0.660
Sat_296	6	0.772	6	0.742	Satt567	8	0.802	8	0.763
Satt213	4	0.500	2	0.375	Satt175	8	0.827	6	0.795
Satt553	9	0.851	6	0.728	Satt022	7	0.804	5	0.741
Satt602	4	0.658	4	0.692	Satt387	4	0.686	4	0.701
Satt716	6	0.454	2	0.375	Satt530	7	0.806	6	0.765
Satt362	8	0.832	8	0.618	Sat_379	5	0.637	3	0.593
Satt522	3	0.377	3	0.445	Satt358	12	0.797	6	0.788
Satt325	6	0.763	6	0.711	Satt563	9	0.770	6	0.767
Satt659	7	0.707	6	0.546	Sat_318	7	0.771	5	0.603

2.2 供试大豆品种(系)间的遗传差异与遗传关系

68 个大豆品种(系)的遗传相似系数(GS),其变幅为 0.529~0.973,平均 GS 值 0.707。其中,53 个中国品种(系)间的变幅为 0.529~0.973,平均 GS 值 0.690,9(‘晋大 78’)和 30(‘中豆 20’)的遗传相似系数最小为 0.529,50(‘征 19’)和 51(‘征 21’)的遗传相似系数最大为 0.973;15 个美国品种的变幅为 0.714~0.870,平均 GS 值 0.772,56(‘Ina’)和 66(‘Defiance’),61(‘Emerald’)和 64(‘Amsoy’),62(‘Rend’)和 65(‘Spry’),64(‘Amsoy’)和 68(‘Avery’)的遗传相似系数最小,皆为 0.714,58(‘Omaha’)和 65(‘Spry’)的遗传相似系数最大为 0.870;53 个中国品种(系)与 15 个美国品种两组间的变幅为 0.566~0.854,平均 GS 值 0.693,39(‘阜 9721-6’)和 66(‘Defiance’)的遗传相似系数最小为 0.566,16(‘鲁 99011’)和 60(‘Darby’)的遗传相似系数最大为 0.854。

图 1 可见,68 个大豆品种(系)共聚成 2 类(以 GS 值 0.65 为标准)。其中第 I 类包括 1(‘晋遗

20’),3(‘晋遗 34’),5(‘晋豆 24’),53(‘H3’),17(‘山宁 16’),2(‘晋遗 30’),4(‘晋豆 19’)以及 6(‘晋豆 25’)8 个品种(系),其余 60 个品种(系)被聚在第 II 类。第 II 类在相似系数 0.69 处又可分为 5 个亚类:第 I 亚类含有 5 个品种,分别为 12(‘邯豆 6 号’),22(‘济 4103’),18(‘临豆 10 号’),34(‘中黄 13’)和 35(‘中黄 37’);第 II 亚类含有 14 个品种,分别为 23(‘徐 0705’),24(‘徐 0801’),26(‘徐豆 15’),25(‘徐豆 13’),29(‘郑州 126’),37(‘科 9302’),41(‘周豆 11’),42(‘皖豆 28’),38(‘阜 97211-76’),39(‘阜 9721-6’),49(‘征 10’),27(‘潍科 8 号’),30(‘中豆 20’)和 46(‘征 1’);第 III 亚类含有 31(‘中豆 40’)和 52(‘征 46’)2 个品种;第 IV 亚类含有 32 个品种(系),包含供试的全部美国品种,其余 17 个中国品种(系)分别为 7(‘晋豆 35’),33(‘中作 06818’),16(‘鲁 99011’),48(‘征 07’),43(‘铁丰 31’),19(‘临 9909’),32(‘中作 045387’),47(‘征 3’),11(‘冀豆 17’),13(‘邯豆 9 号’),21(‘荷豆 18’),40(‘远育 6 号’),20(‘荷豆 12’),



图中序号见表 1。See Table 1 for the serial number in the figure.
图 1 68 个大豆品种(系)的 SSR 分子标记遗传多样性聚类图

Fig. 1 Dendrogram of 68 soybean varieties (lines) based on genetic similarity by SSR molecular markers

50(‘征 19’)、51(‘征 21’)、9(‘晋大 78’)和 10(‘汾豆 93’);第Ⅴ亚类包括 14(‘鲁豆 11’)、28(‘淮豆 267’)、8(‘晋豆 59’)、36(‘诱处 30’)、15(‘鲁 96150’)、44(‘铁丰 61’)和 45(‘莹豆 812-04’)7 个品种。

3 讨论与结论

SSR 分子标记技术不易受环境影响,且多态性好,已成为研究作物遗传多样性的主要手段。王彩洁等^[12]研究自 20 世纪 40 年代,中国大豆主产区不同年代大面积种植品种的遗传多样性进行分析。结果显示,平均等位变异数为 5.48 个,等位变异的变化范围为 1.00~14.00 个,黑龙江省北部及中南部、吉林省和辽宁省和黄淮海地区的位点多态性信息含量(PIC)依次为 0.414,0.469,0.522 和 0.562。张海平等^[14]研究山西省野生大豆种质资源遗传多样性分析结果,多态性信息含量(PIC)为 0.201 9~0.858 4,平均 0.679 7。Wang 等^[15]对山西省大豆育成品种、地方品种和野生资源遗传多样性分析结果,多态性信息含量(PIC)为 0.585~0.850,平均为 0.780。本研究结果表明,64 对 SSR 标记所揭示的 68 个大豆品种(系)的等位变异数变化范围为 2~12 个,平均为 5.86 个,其中 53 个中国品种(系)平均为 5.83 个,15 个美国品种平均为 4.50 个;总的位点多态性信息含量 PIC 变化范围为 0.366~0.900,平均为 0.677,其中 53 个中国品种(系)平均为 0.682,15 个美国品种平均为 0.590。本研究位点多态性信息含量(PIC)介于二者之间,高于育成品种,低于地方品种,表明 68 个大豆品种(系)遗传多样性相对丰富,亲缘关系较远,作为种质资源利用及三系亲本的改良具有一定的价值。

利用聚类分析将不同来源的大豆品种(系)进行分类,明确其亲缘关系,可为三系杂交大豆亲本改良保持一定的遗传距离提供参考依据。本研究中 68 个大豆品种(系)聚为 2 大类,第Ⅰ类有 8 个材料,其中,三系亲本保持系有 3 个,分别为 1(‘晋选 20’)、5(‘晋豆 24’)和 53(‘H3’),基于此可把该类品种(系)作为保持系改良亲本;第Ⅱ类在相似系数 0.69 处又可分为 5 个亚类,其中,第Ⅱ亚类 38(‘阜 97211-76’)与 39(‘阜 9721-6’)、第Ⅲ亚类 52(‘征 46’)、第Ⅳ亚类 33(‘中作 06818’)与 32(‘中作 045387’)和第Ⅴ亚类 45(‘莹豆 812-04’)为三系亲本的恢复系,在各自亚类的基础上参照聚类品种

(系)进行恢复系的改良。在大豆种质类群划分研究上,已有很多报道,SSR 聚类结果与地理来源之间存在较大相关性,同一区域内大面积种植品种的同质化现象相当明显^[12]。本研究发现,聚类结果与地理来源具有一定相关性,15 个美国品种都聚在第Ⅱ类中的第Ⅳ亚类,4 个来源于徐州市农业科学院的品种都聚在第Ⅱ类中的第Ⅱ亚类。然而,并不是同一地理来源的品种就会聚在一类,如山西省的 10 个品种,6 个聚在第Ⅰ类,4 个聚在第Ⅱ类,这也是通过 SSR 标记对大豆品种类群划分的意义所在。15 个美国品种的位点多态性信息含量(PIC)低于 53 个中国品种(系)的 PIC,表明中国的大豆种质资源的遗传多样性丰富,15 个美国品种与 17 个中国品种(系)聚在了第Ⅱ类中的第Ⅳ亚类,产生该结果可能是中国品种选育中利用了美国品种,为验证该设想,对其中的育成品种进行了系谱信息查询,发现‘铁丰 31’和‘冀豆 17’等品种有美国品种的直接亲缘关系^[18-19]。此外,对系谱来源不清的 8 个品系划分到相应的类群,53(‘H3’)划分在第Ⅰ类,46(‘征 1’)和 49(‘征 10’)划分在第Ⅱ类中第Ⅱ亚类,52(‘征 46’)划分在第Ⅱ类中第Ⅲ亚类,48(‘征 07’)、47(‘征 3’)、50(‘征 19’)和 51(‘征 21’)划分在第Ⅱ类中第Ⅳ亚类。一些系谱来源不清的大豆种质被划分至不同类群中,依据此结果进行三系亲本改良,可以避免盲目测配,提高利用效率。

参考文献 References

- [1] 赵团结, 盖均镒. 栽培大豆起源与进化研究进展[J]. 中国农业科学, 2004, 37(7): 954-962
Zhao T J, Gai J Y. The origin and evolution of cultivated soybean[J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2004, 37(7): 954-962 (in Chinese)
- [2] 张媛媛, 杨艳华, 陈克平. 杂种优势的研究进展[J]. 生命科学, 2016, 20(5): 447-454
Zhang Y Y, Yang Y H, Chen K P. Advances in heterosis research[J]. *Life Science Research*, 2016, 20(5): 447-454 (in Chinese)
- [3] 雷永群, 宋书锋, 李新奇. 水稻杂种优势利用技术的发展[J]. 杂交水稻, 2017, 32(3): 1-4
Lei Y Q, Song S F, Li X Q. Development of technologies for heterosis utilization in rice[J]. *Hybrid Rice*, 2017, 32(3): 1-4 (in Chinese)
- [4] 李琳, 程汝宏, 王根平, 董立, 师志刚, 张婷, 赵连元, 高翔. 谷子不育系与杂种优势利用研究进展[J]. 农业生物技术学报, 2018, 26(10): 1787-1796

- Li L, Cheng R H, Wang G P, Dong L, Shi Z G, Zhang T, Zhao L Y, Gao X. Research progress of application of heterosis and sterile line in foxtail millet (*Setaria italica*)[J]. *Journal of Agricultural Biotechnology*, 2018, 26(10): 1787-1796 (in Chinese)
- [5] 曹芳, 李志刚, 李旭新, 于德彬. 大豆雄性不育及杂种优势利用研究进展[J]. 安徽农业科学, 2016, 44(34): 23-25
- Cao F, Li Z G, Li X X, Yu D B. Research progress of soybean male-sterility and utilizing heterosis [J]. *Journal of Anhui Agricultural Sciences*, 2016, 44(34): 23-25 (in Chinese)
- [6] 彭宝, 张连发, 张伟龙, 赵丽梅, 张春宝, 赵晓明, 张井勇, 孙寰, 徐亚杰, 路明鉴. 大豆杂交种杂交豆5号选育报告[J]. 吉林农业科学, 2011, 36(6): 7-8
- Peng B, Zhang L F, Zhang W L, Zhao L M, Zhang C B, Zhao X M, Zhang J Y, Sun H, Xu Y J, Lu M J. A breeding report of hybrid soybean ‘HybSoy 5’ [J]. *Journal of Jilin Agricultural Sciences*, 2011, 36(6): 7-8 (in Chinese)
- [7] 黄志平, 李杰坤, 张磊, 胡国玉, 胡晨, 张丽亚. 高蛋白杂交大豆杂优豆2号选育及栽培技术[J]. 安徽农业科学, 2013, 41(5): 2029, 2133
- Hung Z P, Li J K, Zhang L, Hu G Y, Hu C, Zhang L Y. Study on breeding and cultivation technology of hybrid soybean ‘Zayoudou No 2’ with high-protein[J]. *Journal of Anhui Agricultural Sciences*, 2013, 41(5): 2029, 2133 (in Chinese)
- [8] 李智, 周洪利. 强优势阜杂交豆1号选育报告[J]. 现代农业科技, 2014(12): 43, 48
- Li Z, Zhou H L. Breeding report of strong superiority Fu hybrid bean No 1 [J]. *Modern Agricultural Science and Technology*, 2014(12): 43, 48 (in Chinese)
- [9] 卫保国, 卫一超, 白志元, 雷梦林, 张海平, 张瑞军. 杂交大豆新品种晋豆48号的选育及制种技术[J]. 中国种业, 2015(9): 65-66
- Wei B G, Wei Y C, Bai Z Y, Lei M L, Zhang H P, Zhang R J. Breeding and seed production techniques of a new hybrid soybean variety Jindou 48[J]. *China Seed Industry*, 2015(9): 65-66 (in Chinese)
- [10] 白志元, 张瑞军, 武国平, 连世超, 杨玉花, 卫保国. 基于SSR标记的杂交大豆主要亲本遗传多样性分析[J]. 华北农学报, 2018, 33(4): 120-125
- Bai Z Y, Zhang R J, Wu G P, Lian S C, Yang Y H, Wei B G. Genetic diversity analysis of main parents for hybrid soybean based on SSR markers[J]. *Acta Agriculturae Boreali-Sinica*, 2018, 33(4): 120-125 (in Chinese)
- [11] 杨加银, 盖钧镒. 黄淮地区大豆重要亲本间产量的杂种优势、配合力及其遗传基础[J]. 作物学报, 2009, 35(4): 620-630
- Yang J Y, Gai J Y. Heterosis, combining ability and their genetic basis of yield among key parental materials of soybean in Huang-Huai valleys[J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2009, 35(4): 620-630 (in Chinese)
- [12] 王彩洁, 孙石, 金素娟, 李伟, 吴存祥, 侯文胜, 韩天富. 中国大豆主产区不同年代大面积种植品种的遗传多样性分析[J]. 作物学报, 2013, 39(11): 1917-1926
- Wang C J, Sun S, Jin S J, Li W, Wu C X, Hou W S, Han T F. Genetic diversity analysis of widely-planted soybean varieties from different decades and major production regions in China[J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2013, 39(11): 1917-1926 (in Chinese)
- [13] 蒲艳艳, 宫永超, 李娜娜, 刘艳, 王秋玲, 宋东涛, 颜廷进, 丁汉凤. 中国大豆种质资源遗传多样性研究进展[J]. 大豆科学, 2018, 37(2): 315-321
- Pu Y Y, Gong Y C, Li N N, Liu Y, Wang Q L, Song D T, Yan T J, Ding H F. The progress in genetic diversity of the soybean germplasm in China[J]. *Soybean Science*, 2018, 37(2): 315-321 (in Chinese)
- [14] 张海平, 陈妍, 王志, 王海岗, 周建萍. 基于SSR标记的山西野生大豆种质资源遗传多样性分析[J]. 大豆科学, 2019, 38(2): 189-197
- Zhang H P, Chen Y, Wang Z, Wang H G, Zhou J P. Genetic diversity analysis of wild soybean (*Glycine soja*) in Shanxi Province based on SSR analysis[J]. *Soybean Science*, 2019, 38(2): 189-197 (in Chinese)
- [15] Wang M, Li R Z, Yang W M, Du W J. Assessing the genetic diversity of varieties and wild soybeans using SSR markers[J]. *African Journal of Biotechnology*, 2010, 9: 4857-4866
- [16] Doyle J J. Isolation of plant DNA from fresh tissue[J]. *Focus*, 1990, 12: 13-15
- [17] Nei M, Li W H. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 1979, 76(10): 5269-5273
- [18] 汪宝坤, 张庆华, 付连舜. 铁丰31大豆新品种选育及栽培技术[J]. 大豆通报, 2003(3): 22
- Wang B K, Zhang Q H, Fu L S. Breeding and cultivation techniques of Tiefeng 31 new soybean varieties[J]. *Soybean Bulletin*, 2003(3): 22 (in Chinese)
- [19] 赵青松, 闫龙, 刘兵强, 邸锐, 史晓蕾, 赵双进, 张孟臣, 杨春燕. 高产广适优质大豆品种冀豆17[J]. 大豆科学, 2015, 34(4): 736-739
- Zhao Q S, Yan L, Liu B Q, Di R, Shi X L, Zhao S J, Zhang M C, Yang C Y. Breeding of high-yield widespread and high-quality soybean cultivar Jidou 17[J]. *Soybean Science*, 2015, 34(4): 736-739 (in Chinese)

责任编辑: 吕晓梅