



吕叶, 董青松, 陈亮, 侯云龙, 刘德泉, 王跃强, 张君, 王新风, 张玲, 于维, 邱红梅. 吉林省大豆品种(系)遗传多样性分析[J]. 中国农业大学学报, 2024, 29(07): 148-160.

LV Ye, DONG Qingsong, CHEN Liang, HOU Yunlong, LIU Dequan, WANG Yueqiang, ZHANG Jun, WANG Xinfeng, ZHANG Ling, YU Wei, QIU Hongmei. Genetic diversity analysis of the soybean varieties/lines in Jilin Province[J]. *Journal of China Agricultural University*, 2024, 29(07): 148-160.

DOI: 10.11841/j.issn.1007-4333.2024.07.14

吉林省大豆品种(系)遗传多样性分析

吕叶^{1,2} 董青松³ 陈亮² 侯云龙² 刘德泉² 王跃强² 张君¹
王新风² 张玲² 于维^{3*} 邱红梅^{2*}

(1. 吉林农业大学 农学院, 长春 130118;

2. 吉林省农业科学院 大豆研究所/农业农村部杂交大豆育种重点实验室, 长春 130033;

3. 吉林省种子管理总站, 长春 130031)

摘要 为明确吉林省2003—2022年育成的大豆品种(系)的遗传距离和亲缘关系,选取2003—2022年育成的299份大豆品种(系)为试验材料,利用覆盖大豆基因组的SNP标记对其进行遗传多样性和群体结构分析。结果表明:1)3240个SNP标记在参试材料中共检测出A/A、A/G、A/T等16种基因型,分子标记多态信息量(PIC)范围为0.0099~0.5561,平均值0.3184;使用Powermarker vision 3.25软件,得到样本群体等位基因频率为0.6883、平均PIC为0.3185。2)参试材料间遗传相似系数在44.86%~95.46%,平均为63.40%;其中,遗传相似系数在60%~70%的材料最多,样本数为170份,占参试材料的56.86%。3)根据遗传距离将参试材料划分为4个类群,I、II、III、IV类群分别含有8、3、115、173份品种(系);来源于同一育种单位的品种(系)一般划分到同一类群。4)进一步利用STRUCTURE进行遗传结构预测,结果显示K=4,表明参试的299份品种(系)可被划分成4组独立的遗传结构类群;第1、2、3、4遗传结构类群分别含有24、18、105、152份品种(系),第1遗传结构类群含祖先遗传物质最多,第2、3、4遗传结构类群中外引遗传物质占比逐渐增多,第4遗传结构类群中外引遗传物质占比为46.80%。综上,参试大豆品种群体总的遗传背景相对狭窄,但随着外引遗传物质的引入,第4遗传结构类群(152份)的遗传多样性显著高于总体水平。

关键词 大豆; 品种; SNP分子标记; 遗传多样性; 聚类分析

中图分类号 S565.1

文章编号 1007-4333(2024)07-0148-13

文献标志码 A

Genetic diversity analysis of the soybean varieties/lines in Jilin Province

LV Ye^{1,2}, DONG Qingsong³, CHEN Liang², HOU Yunlong², LIU Dequan², WANG Yueqiang²,
ZHANG Jun¹, WANG Xinfeng², ZHANG Ling², YU Wei^{3*}, QIU Hongmei^{2*}

(1. College of Agriculture, Jilin Agricultural University, Changchun 130118, China;

2. Soybean Research Institute/Key Laboratory of Hybrid Soybean Breeding of Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Jilin Academy of Agricultural Sciences, Changchun 130033, China;

3. General Station of Seed Management, Jilin Province, Changchun 130031, China)

Abstract In order to clarify the genetic distance and relatedness of soybean varieties/lines in Jilin Province

收稿日期: 2023-12-30

基金项目: 国家重点研发计划(2021YFD1201603); 吉林省农业科学院基本科研经费项目(KYJF2023DX002)

第一作者: 吕叶(ORCID:0009-0000-9243-3046), 硕士研究生, E-mail:2686056637@qq.com

通讯作者: 于维(ORCID:0009-0001-2548-4991), 高级农艺师, 主要从事农业推广及品种管理, E-mail:509840816@qq.com

邱红梅(ORCID:0000-0001-6951-0218), 副研究员, 主要从事大豆种质资源研究, E-mail:qhm2001-2005@163.com

from 2003 to 2022, 299 soybean varieties/lines from 2003 to 2022 were selected as test materials and analyzed for genetic diversity and population structure using SNP markers covering the soybean genome. The results showed that: 1) A total of 3 240 SNP markers detected a total of 16 genotypes including A/A, A/G and A/T in the participating materials. The molecular marker polymorphic information content (PIC) was ranged from 0.009 9 to 0.556 1 with an average value of 0.318 4. The results obtained by using software of Powermarker vision 3.25 showed that the allele frequency of the sample population was 0.688 3 and the average PIC value was 0.3185. 2) The genetic similarity coefficient among the participating materials was ranged from 44.86% to 95.46% with an average value of 63.40%; Among them, the materials with genetic similarity coefficients ranging from 60% to 70% contained the most materials. The number of samples was 170, which accounted for 56.86% of the participating materials. 3) According to the genetic distances, the tested materials were classified into 4 populations, population I, II, III and IV contained 8, 3, 115, 173 varieties/lines, respectively. The varieties/lines originating from the same breeding unit were generally classified into 1 population. 4) The genetic structure prediction was further carried out by using STRUCTURE, and the results was $K=4$, which indicated that the 299 varieties/lines of the participating materials could be classified into 4 groups of independent genetic population. The 1st, 2nd, 3rd, and 4th genetic population contained 24, 18, 105, 152 varieties/lines, respectively. The 1st genetic population contains the most ancestral genetic material, while the 2nd, 3rd and 4th genetic population gradually increased the proportion of the introduced genetic material and the 4th genetic population introduced genetic material accounted for 46.8%. In conclusion, the total genetic background of the tested soybean variety populations was relatively narrow. However, the genetic diversity of the 4th genetic population (152 copies/lines) was significantly higher than the overall level due to the use of introduced genetic material.

Keywords soybean; variety; SNP molecular markers; genetic diversity; cluster analysis

大豆是粮食和油料兼用型作物,居民食用油、豆制品与肉类消费等都依赖于大豆^[1]。自20世纪90年代以后,中国从最初的大豆出口国变成了全球最大的进口国,供需关系严重失衡^[2]。东北地区作为我国重要的大豆生产基地,年均产量和播种面积占全国大豆产量和播种面积的50%以上^[3]。吉林省作为我国优质大豆主要生长带之一,也是我国开展大豆科学研究最早省份之一。吉林省育成的品种众多,研究遗传多样性不仅是保护品种资源的重要步骤,也对吉林省大豆品种的分类和遗传改良有着重要的指导意义。

近年来,在作物遗传多样性研究中,利用不同类型的分子遗传标记评估作物品种资源遗传多样性的研究较多^[4-8]。SSR(Simple sequence repeat)分子标记被广泛应用在大豆的遗传多样性分析中^[9]。李明松等^[10]采用的是表型和SSR标记的方法,对福建省春大豆地方品种进行了表型性状遗传多样性的分析,基于SSR分子标记结果将23份材料聚类为3大类。林春雨等^[11]是通过187对SSR分子标记对1992—2017年黑龙江省栽培的202份大豆品种进行遗传多样性和群体结构的分析,利用群体结构、主坐标分析和NJ聚类将202份品种分为3个群体。李

琼等^[12]利用42对SSR标记对黄淮海地区的50份大豆种质材料进行遗传多样性分析,UPMGA聚类将50份黄淮海地区的大豆种质材料分为2个类群,说明黄淮海北部的大豆种质资源较为丰富。但在育种中对于样本量急剧增加的现状,SSR标记不能更好地满足分析目标。

SNP(Single nucleotide polymorphism)针对样本量大的问题,可以相对更为全面地代表整个大豆基因组的变异信息,并对品种资源的遗传信息进行更为准确的评估,使遗传多样性分析得到可靠性较高的结果^[13]。目前,SNP在多种作物上都得到了广泛的应用,也发挥了极大的潜力^[14]。如Hao等^[15]通过全基因组关联分析对191份地方大豆品种进行遗传多样性分析,筛选出1 536个SNP,对群体作出聚类分析,分出2个亚群。Liu等^[16]使用Illumina SoySNP6k iSelect BeadChip上的5 361个SNP标记对中国的277份和美国的300份大豆种质资源之间的遗传关系进行研究发现,中国(不包括香港、澳门地区和台湾省)大豆与美国大豆被划分为2个不同的遗传类群,基因多样性指数分别为0.330 7和0.298 8,中国大豆遗传多样性高于美国大豆,这种多样性分析有助于育种者选择合适亲本,提高大豆

品种的遗传组成多样性。肖颖妮等^[17]利用 Illumina Maize 6K 芯片对中国 385 个鲜食玉米进行遗传多样性的分析,利用 5 067 个 SNP 标记通过 FST 分析找出玉米籽粒淀粉合成途径的关键基因,为后续的品种选育和改良提供理论指导。曹廷杰等^[18]利用 Illumina 90 kiSelect SNP 标记技术对河南省 1994—2013 年审定的 96 个小麦品种进行全基因组扫描,并分析了品种的遗传多样性,结果表明 SNP 多态性比率为 47.39% (38 661/81 587),96 个品种亲缘关系较近,且 94.30% 的品种间遗传相似系数在 0.652~0.812,按 UPGMA 法将 96 个品种划分为 7 个类群,综合 SNP 和系谱分析结果证明 96 个小麦品种遗传多样性不够丰富,多数品种亲缘关系较近。SNP 作为第三代遗传标记的典型,相比其他分子标记有着

丰富的多态性和良好的遗传稳定性等优势。目前,利用 SNP 分子标记对大豆遗传多样性的研究鲜见报道,本研究选用吉林省近 20 年育成的大豆品种(系),使用“中豆芯二号”大豆 5K 液相芯片获得 5 516 个 SNP 标记信息,经过筛选获得 3 240 个在目标群体间具有多态性 SNP 标记,进行遗传多样性等分析,旨在探讨吉林省近 20 年来选育的大豆品种(系)的遗传组成,以期对吉林省大豆品种的遗传改良提供参考。

1 材料与方法

1.1 参试材料

参试材料为 2003—2022 年吉林省育成的大豆品种(系)299 份(表 1),种子由吉林省种子管理站提供。

表 1 大豆品种信息
Table 1 Information about the soybean varieties/line

序号 No.	品种(系) Variety/line	序号 No.	品种(系) Variety/line	序号 No.	品种(系) Variety/line	序号 No.	品种(系) Variety/line
1	东盛 1 号	76	吉育 341	151	吉育 2074	226	长农 307
2	东盛 2 号	77	吉农 46	152	吉育 374	227	林农 25
3	吉农 71	78	吉农 48	153	吉农 239	228	通农 60
4	吉育 381	79	吉农 47	154	吉育 325	229	吉大豆 36
5	吉育 362	80	吉科鲜豆 1 号	155	雁育豆 26	230	吉育 581
6	德豆 10	81	吉鲜豆 1 号	156	吉育 3102	231	吉育 5071
7	长农 33	82	稷秣豆 1 号	157	长农 105	232	吉育 5103
8	长农 34	83	吉农 42	158	东创豆 201	233	吉育 5105
9	九青豆	84	九农 40 号	159	吉育 2891	234	吉育 5891
10	先豆 4	85	吉育 205	160	吉育 377	235	吉育 5903
11	九农 CE2	86	吉育 108	161	吉农 145	236	吉农 143
12	吉农 89	87	吉育 109	162	吉农 238	237	吉农 235
13	吉农 54	88	长农 32	163	吉育 228	238	吉农 247
14	长农 39	89	雁育 2 号	164	雁育豆 24	239	吉农 248
15	吉育 481	90	吉科豆 11	165	长农 103	240	长农 401
16	吉育 552	91	吉科豆 12	166	吉农 240	241	长农 403
17	吉农 84	92	吉育 702	167	吉育 3056	242	九农 64
18	吉农 82	93	兆成扇子豆	168	长农 107	243	京通 606
19	吉育 111	94	吉育 506	169	吉育 3519	244	京通 607
20	吉黑 6 号	95	吉育 507	170	林农 29	245	富晟豆 3 号
21	吉密豆 4 号	96	吉农 37	171	吉育 7518	246	吉育 122
22	吉科密豆 1 号	97	吉农 39	172	雁育豆 23	247	吉育 124
23	九久青	98	长农 31 号	173	吉育 2105	248	吉农 257
24	京通绥 1 号	99	吉农 40 号	174	东创豆 102	249	吉农 276

表 1 (续)

序号 No.	品种(系) Variety/line	序号 No.	品种(系) Variety/line	序号 No.	品种(系) Variety/line	序号 No.	品种(系) Variety/line
25	吉育 363	100	长农 29	175	九农 404	250	吉农青 307
26	吉育 308	101	吉科黄豆 20	176	通农 204	251	吉农鲜 3 号
27	吉育 306	102	吉育 303	177	东生 124	252	吉青大豆 40
28	九农 43B	103	吉农 38	178	东生 125	253	吉茶豆 1 号
29	德豆 12	104	雁育 1 号	179	吉大豆 34	254	吉芽豆 1 号
30	吉育 584	105	长密豆 30	180	九农 405	255	吉无腥豆 1 号
31	长农 45	106	吉农 33	181	吉大豆 41	256	吉黑 14
32	吉育 593	107	长农 28	182	吉豆 15	257	吉黑 16
33	吉育 242	108	吉农 34	183	吉豆 16	258	中科黑豆 1 号
34	吉育 296	109	吉农 36	184	通农 205	259	吉科黄豆 30
35	龙垦 324	110	吉利豆 5 号	185	东生 122	260	九兴豆 3 号
36	吉农 161	111	吉农 35	186	东生 123	261	九兴豆 4 号
37	吉育 414	112	吉大豆 5 号	187	金豆 1 号	262	九芽豆 2 号
38	吉育 384	113	吉育 107	188	吉育 721	263	九芽豆 3 号
39	吉农 210	114	吉科豆 10	189	吉育 767	264	东生 226
40	吉育 588	115	吉密豆 3 号	190	吉育 2101	265	碧豆 1 号
41	吉育 548	116	吉育 504	191	吉育 2515	266	双胜绿瓢黑豆 209
42	吉育 419	117	吉育 505	192	吉农 162	267	宏育芽 2 号
43	吉育 269	118	吉农 32	193	吉农 163	268	尖山 1 号
44	吉育 318	119	吉育 403	194	吉农 256	269	吉大茶豆 48
45	吉育 338	120	吉育 404	195	东生 711	270	中吉 607
46	吉育 349	121	吉育 405	196	北亚 209	271	吉育 266
47	吉育 371	122	吉育 406	197	吉科黄豆 29	272	吉育 2525
48	吉育 596	123	吉育 302	198	雁育豆 28	273	吉育 3057
49	吉育 589	124	吉育 202	199	益农豆 202	274	吉育 3412
50	雁育豆 13	125	吉育 203	200	吉育 340	275	吉育 3523
51	松泽 6	126	吉黑 4 号	201	吉育 375	276	吉育 3527
52	吉育 2072	127	吉密豆 2 号	202	吉育 3103	277	吉育 3604
53	通农 61	128	通农 15	203	吉育 3105	278	吉育 3606
54	吉农 58	129	延农 12	204	吉育 3411	279	吉育 7525
55	九农 48	130	吉育 86	205	吉农 133	280	吉育 7530
56	长农 50	131	吉利豆 3 号	206	吉农 134	281	吉农 61
57	长农 42	132	丰交 2004	207	吉农 150	282	吉农 258
58	吉育 3511	133	吉利豆 1 号	208	吉农 231	283	吉农 275
59	吉育 354	134	临选 1 号	209	吉农 241	284	吉农 308
60	吉育 209	135	长农 201	210	长农 203	285	长农 112
61	吉育 310	136	吉育 2517	211	雁育豆 21	286	长农 209
62	吉农 75	137	吉育 2516	212	雁育豆 27	287	长农 211
63	吉农 105	138	长农 106	213	龙吉豆 1 号	288	东创豆 103

表1(续)

序号 No.	品种(系) Variety/line	序号 No.	品种(系) Variety/line	序号 No.	品种(系) Variety/line	序号 No.	品种(系) Variety/line
64	吉育 594	139	吉农 116	214	龙吉豆 3 号	289	东创豆 105
65	吉育 554	140	吉育 3104	215	松泽 12	290	东创豆 202
66	吉育 513	141	吉农 120	216	吉育 474	291	东农 110
67	吉农 74	142	吉农 132	217	吉育 4073	292	雁育豆 30
68	吉育 232	143	吉育 2103	218	吉育 4102	293	东生 121
69	吉育 610	144	东创 101	219	吉育 4103	294	九农 406
70	雁育豆 3 号	145	吉育 272	220	吉育 4520	295	九兴豆 5 号
71	吉育 611	146	吉育 2521	221	吉农 139	296	吉大豆 47
72	吉农 51	147	吉育 7519	222	吉农 232	297	通农 206
73	省原豆 1 号	148	吉育 3517	223	吉农 233	298	东生 137
74	吉育 321	149	吉育 229	224	长农 301	299	东生 138
75	吉利豆 6 号	150	吉农 169	225	长农 306		

1.2 DNA 提取及 SNP 位点检测

每份材料选取 50 粒颗粒饱满的种子用研磨机打碎成粉末,过 60 目筛后分别取 100 mg 豆粉放入 2 mL 离心管中,采用 CTAB 法^[19]提取样本 DNA。用 75% 乙醇清洗 2 遍,晾干后加入 100 mL 灭菌去离子水溶解,待充分溶解后放-20 ℃备用。

将提取出的 DNA 样品送至北京康普森生物技术有限公司进行 SNP 基因分型^[20],使用“中豆芯二号”大豆 5K 液相芯片检测 SNP 标记。

1.3 数据分析

通过 SNP 分型结果,利用 Powermarker vision 3.25 软件^[21]计算出 299 份参试材料间的遗传距离,使用 MEGA 11 软件的邻接法,绘制出树状聚类图。计算每个类群的等位基因频率、基因型数量、等位基因数量、基因多样性、杂合度、多态信息含量(Polymorphism information content, PIC)的平均值。基因多样性(1)、PIC(2)和 Shannon 指数(3)计算公式如下:

$$\hat{D}_l = \left(1 - \sum_{u=1}^k \tilde{p}_{lu}^2\right) / \left(1 - \frac{1+f}{n}\right) \tag{1}$$

$$\widehat{PIC}_l = 1 - \sum_{u=1}^k \tilde{p}_{lu}^2 - \sum_{u=1}^{k-1} \sum_{v=u+1}^k 2 \tilde{P}_{lu}^2 \tilde{P}_{lv}^2 \tag{2}$$

$$H = -\sum p_i \log_2 p_i \tag{3}$$

式中: f 为近亲繁殖系数, $\tilde{P}_{lu}^2$ 为第 l 个位点第 u 个等位基因的样本频率, $\hat{D}_l$ 为位点 l 基因多样性的无偏估计, n 为样本数, k 表示 k 个等位基因^[22]。 H 为香浓指

数, p_i 为第 i 个物种在全体物种中的重要性比例。

通过 GenAlEx 6.503 软件^[23]计算参试材料间的遗传多样性参数,包括 Shannon 指数(Shannon-Weiner index)、期望杂合度^[24]。最后采用 STRUCTURE 2.3.4 软件^[25],预设 K 为 1~10,将 MCMC(Markov Chain Monte Carlo)开始时的不作数迭代和不作数迭代后的 MCMC 迭代分别设置为 10 000 次和 100 000 次^[26],分组推断参照 Evanno 等^[27]方法,估算出最佳的群体亚群数量 K 。

2 结果与分析

2.1 SNP 标记多态性及遗传多样性分析

通过芯片检测到 5 516 个 SNP 位点,去除无多态及单一标记最小等位基因频率(Minor Allele Frequency, MAF)<0.05 的位点,筛选获得 3 240 个有效 SNP 标记,占总位点的 58.74%。3 240 个 SNP 共检测出 A/A, A/G, A/T, A/C, C/C, C/A, C/T, C/G, T/T, T/A, T/C, T/G, G/G, G/A, G/T, G/C 16 种等位基因型,其中 3 154 个 SNP 标记分布在 20 条染色体上,86 个未定位到染色体(表 2)。多态性最高的 SNP 标记位于 Gm 06 号染色体,其多态信息量(PIC)为 0.556 1;多态性最低的 SNP 标记位于 Gm 14 号染色体,其 PIC 为 0.009 9。本研究中 80% 的 SNP 标记 PIC 介于 0.30~0.50(表 2),呈现较好的遗传多样性参数,表明这些 SNP 标记位点的遗传变异相对较高,适用于样本群体的遗传多样性评价。

表 2 各条染色体上 SNP 标记的多态信息

Table 2 Polymorphic information of SNP markers on each chromosome

染色体序号 Chromosome serial number	SNP 数量 Number of SNP	PIC 范围 PIC range	PIC 平均值 PIC average	染色体序号 Chromosome serial number	SNP 数量 Number of SNP	PIC 范围 PIC range	PIC 平均值 PIC average
Gm 01	179	0.119 6~0.375 0	0.314 9	Gm 12	123	0.016 4~0.375 0	0.279 3
Gm 02	189	0.050 7~0.375 0	0.301 2	Gm 13	176	0.114 5~0.375 0	0.324 7
Gm 03	177	0.131 9~0.375 0	0.325 4	Gm 14	155	0.009 9~0.375 0	0.321 9
Gm 04	170	0.013 2~0.375 0	0.309 5	Gm 15	169	0.038 6~0.375 0	0.330 5
Gm 05	143	0.104 1~0.375 0	0.294 0	Gm 16	130	0.150 8~0.375 0	0.327 1
Gm 06	160	0.109 4~0.556 1	0.333 1	Gm 17	140	0.079 7~0.375 0	0.340 6
Gm 07	172	0.088 0~0.504 7	0.321 1	Gm 18	183	0.119 6~0.375 0	0.289 2
Gm 08	156	0.101 5~0.375 0	0.322 2	Gm 19	152	0.068 4~0.375 0	0.331 1
Gm 09	191	0.062 6~0.375 0	0.319 3	Gm 20	120	0.150 8~0.375 0	0.334 4
Gm 10	164	0.026 0~0.374 8	0.329 8	Scaffold	86	0.150 8~0.375 0	0.329 2
Gm 11	105	0.059 6~0.375 0	0.316 3				

基于 3 240 个 SNP 的分型数据，使用 Powermarker vision 3.25 软件，得到样本群体基因型有 9 716 个，等位基因有 6 482 个，平均每个位点有 2 个等位基因。等位基因频率为 0.688 3，基因多样性指数为 0.404 5，PIC 平均值为 0.318 5。样本群体 PIC 平均值较低，遗传多样性不够丰富。

Shannon 指数反映种类的丰富度和在分配上的均匀性，期望杂合度反映样本类群的遗传一致情况。Shannon 指数和期望杂合度分别为 1.080 和 0.597，均处于较低水平，表明参试品种(系)遗传多样性较低。

2.2 遗传相似性分析

遗传相似性分析发现，参试材料间遗传相似系数在 44.86%~95.46%，平均值 63.40%；遗传相似系数最高的 2 个品种是‘吉农 82’(表 1 中编号 18，下

同)和‘吉农 84’(17)，相似系数高达 95.46%，二者有 3 093 个 SNP 标记相同，147 个不同，表明亲缘关系较近；遗传相似性最低的 2 个品种是‘金豆 1 号’(187)和‘吉育 109’(87)，相似系数为 44.86%，二者有 1 787 个 SNP 标记存在差异，表明亲缘关系较远；‘吉育 109’含有野生大豆的异源遗传物质，表明野生大豆的引入可以显著提高品种间遗传差异^[28]。以 10% 为分段标准，将遗传相似系数分为 6 组：≥40%~50%、≥50%~60%、≥60%~70%、≥70%~80%、≥80%~90%、≥90%(表 3)。其中，遗传相似系数在 ≥60%~70% 的材料最多，样本数为 170 份，占参试材料的 56.86%；遗传相似系数在 ≥50%~60% 的材料为 86 份，占参试材料的 28.76%。参试品种(系)间两两比较，遗传差异较大，表明遗传组成不同。

表 3 参试材料按遗传相似系数分类

Table 3 Classification of participant materials according to genetic similarity coefficients

分组 Classification	遗传相似系数范围 Range of genetic similarity coefficients	样本数 Sample size	遗传相似系数平均值/% Mean genetic similarity coefficient
1	≥40%~50%	2	44.86
2	≥50%~60%	86	56.90
3	≥60%~70%	170	64.48
4	≥70%~80%	36	73.01
5	≥80%~90%	3	82.64
6	≥90%	2	95.46

2.3 聚类分析

由图1可知,299份样本群体被划分为4个类群。类群I中包含8个品种(系),有‘九农405’(180)、“九农64”(242)、“吉利豆5号”(110)等。类群II中包含3个品种(系),分别为‘东生124’(177)、“东生122”(185)、“东生137”(298)。类群III中包含115个品种(系),依据遗传相似程度又划分为3个亚类群:III-1、III-2、III-3,其中亚类群III-1包含40个品种(系),有‘吉农36’(109)、“吉农37”(96)、“吉农51”(72)等;亚类群III-2包含36个品种(系),有‘长农33’(7)、“长农105”(157)、“长农107”(168)等;亚类群III-3包含39个品种(系),有‘吉育107’(113)、“吉育108”(86)、“吉育109”(87)等。类群IV中包含173个品种(系),按照遗传相似程度又划分为IV-1、IV-2、IV-3、IV-4、IV-5、IV-6、IV-7、IV-8共8个亚类群。亚类群IV-1的品种(系)有15个,包含‘吉育202’(124)、“吉育

205’(85)、“吉育308”(26)等;亚类群IV-2的品种(系)有5个,包含‘吉育404’(120)、“吉育3104”(140)、“吉农39”(97)等;亚类群IV-3的品种(系)有14个,包含‘雁育豆26’(155)、“雁育豆28”(198)、“雁育豆30”(292)等;亚类群IV-4的品种(系)有16个,包含‘吉农54’(13)、“吉农239”(153)、“吉农256”(194)等;亚类群IV-5的品种(系)有38个,包含‘吉育228’(163)、“吉育4073”(217)、“吉育7530”(280)等;亚类群IV-6的品种(系)有12个,包含‘吉育767’(189)、“北亚209”(196)、“东生711”(195)等;亚类群IV-7的品种(系)有34个,包含‘长农39’(14)、“通农60”(228)、“通农61”(53)等;亚类群IV-8的品种(系)有39个,包含‘吉育481’(15)、“吉育584”(30)、“吉育589”(49)等。来源于同一育种单位的品种(系)一般划分到相同类群,类群内的样本亲缘关系更近。如类群II中的‘吉农82’和‘吉农84’,前期分析结果显



编号对应品种(系)见表1。

Number corresponds to varieties (lines) shown in Table 1.

图1 基于SNP标记的299份品种(系)聚类图

Fig. 1 Cluster diagram of 299 cultivars based on SNP markers

示二者遗传相似性最高,相似系数为95.46%;小粒品种‘吉育109’属于亚类群III-3,该类群中还有‘吉育107’、‘吉育108’等其他11个小粒大豆品种。与‘吉育109’遗传相似性最低的‘金豆1号’属于亚类群IV-7,以及遗传相似系数在50%~60%的材料均来源于不同类群,表明类群间遗传差异大。

2.4 遗传结构预测

通过STRUCTURE的Trangle Plot预测的群体遗传结构与UPGMA聚类(图1)的结果基本相一致,也划分为4个遗传结构类群(Population)。通过连续 K 间 ΔK 变化率(ΔK)作折线图确定最佳 K , $K=4$ 时, ΔK 最高(图2)。说明参试的299份样本可划分成4组独立的遗传类群,分别为第1、2、3、4遗传类群(Population)(图3)。根据SNP标记将群体遗传物质划分为A、B、C、D 4个遗传单元(Cluster),平均期望杂合度分别为0.517 6、0.500 5、0.498 1、0.680 6,遗传单元D的平均期望杂合度最高,表明其遗传物质的多样性丰富。第1遗传结构类群含有24份品种(系),主要遗传物质来源于A和B,占比分别为42.4%和48.3%。第2遗传结构类群含有18份品种(系),主要遗传物质来源于单元A、B和D,占比分别为31.8%、48.1%和14.2%,其中遗传单元B占比最高。第3遗传结构类群含有105份品种(系),主要遗传物质来源于A、B、C、D,占比分别为50.3%、23.3%、10.2%和16.3%,其中单元A占比最高。第4遗传结构类群含有152份品种(系),主要遗传物质也来源于A、B、C、D,占比分别为19.2%、34.6%、32.6%和13.7%,遗传物质来源C的占比逐渐增多。4个类群均含有A、B遗传单元,表明二者为吉林省大豆品种(系)的祖先亲本遗传组成,遗

传单元C和D为外引遗传组成。第1、2、3、4遗传结构类群含祖先亲本遗传组成(A+B)占比不同,分别为90.7%、79.9%、73.6%、53.8%,遗传单元A+B对遗传结构群体的遗传贡献依次为1>2>3>4。含有野生遗传组成的‘吉育109’属于第2遗传结构类群,通过对该类群遗传物质组成分析表明,其主要遗传物质仍来源于骨干亲本,外引遗传组成占比<15%;与之遗传差异最大的‘金豆1号’属于第4遗传结构类群,外引遗传组成占比高达46.8%;表明外引遗传组成越多,品种间遗传差异越大。遗传相似度最高的‘吉农82’和‘吉农84’分别来源于第3和4遗传结构类群,都含有外引遗传组成但占比不同,表明也应注意外引遗传组成的多样性和利用频率。综上分析,第4遗传结构类群的遗传组成最丰富,遗传多样性也最高。该遗传结构类群的样本主要来源于UPGMA聚类的亚类群III-1(34份)、III-2(31份)、IV-7(30份)和IV-8(32份)(图1和表4)。其中亚类群III-1、III-2、IV-7和IV-8分别含有21、68、21和27个共有SNP标记,亚群内共有标记均极少,也表明群体内品种间遗传差异大。

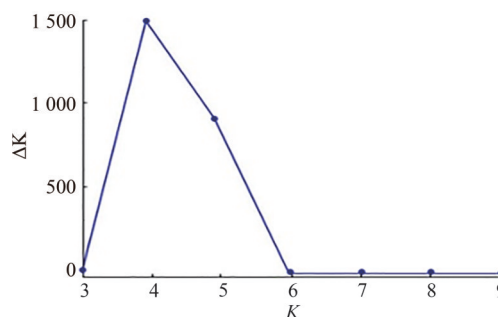
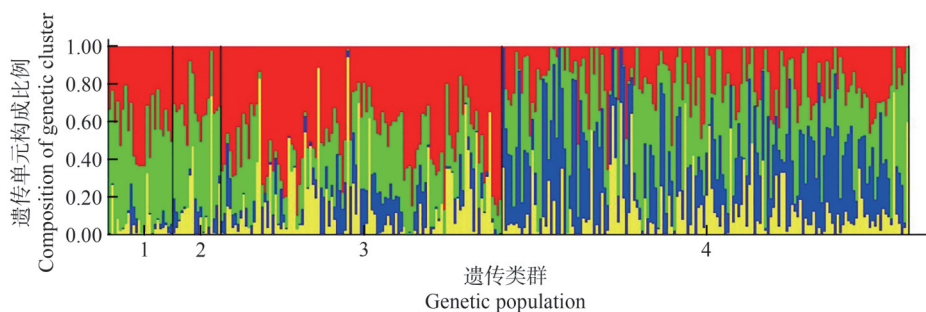


图2 ΔK 随 K 的变化

Fig. 2 ΔK with the change of K values



红色、绿色、蓝色、黄色分别为遗传单元A、B、C、D。

Red, green, blue and yellow indicate genetic cluster A, B, C, D, respectively.

图3 基于SNP标记的299份吉林省大豆资源群体遗传结构

Fig. 3 Population genetic structure of 299 soybean resources in Jilin Province based on SNP markers

表4 4个类群所含样本清单
Table 4 List of samples included in the 4 Populations

类群 Population	样本编号 Sample number
1	213、27、214、132、155、36、60、75、204、202、164、63、198、292、123、46、43、110、180、242、1、80、173、273
2	125、238、121、94、73、291、76、78、102、258、210、81、177、185、298、87、154、57
3	4、84、129、264、165、284、25、83、172、124、191、197、2、265、289、217、23、163、216、282、152、54、285、144、158、280、136、287、151、190、272、276、146、147、171、279、174、249、79、126、251、134、176、259、68、268、255、266、269、256、90、22、9、248、86、270、128、19、18、257、113、250、254、103、247、85、114、246、13、153、194、212、149、274、32、162、283、3、72、290、267、199、175、55、131、160、145、51、183、50、99、112、182、148、34、159、156、235、42、10、91、33、196、189、195
4	44、11、16、45、96、98、109、111、116、118、130、138、139、143、161、179、186、192、200、203、218、219、227、245、252、271、278、281、286、288、293、295、296、297、299、7、17、29、39、67、101、105、106、107、119、122、133、135、157、166、168、178、181、208、209、220、223、224、226、229、237、244、260、261、275、294、20、52、58、74、77、82、88、95、100、104、26、47、97、120、140、28、37、61、64、56、24、69、35、92、6、8、14、21、53、59、65、66、70、89、93、115、117、127、137、169、187、188、211、225、228、230、231、232、240、241、243、253、262、263、5、12、15、30、31、38、40、41、48、49、62、71、108、141、142、150、167、170、184、193、201、205、206、207、215、221、222、233、234、236、239、277

3 讨论

吉林省作为中国大豆产区之一,有着较高的育种水平^[29]。大豆遗传多样性是遗传改良的基础,对大豆种质的创新、利用有着重要的意义^[30]。育成品种亲本材料间遗传差异越大,遗传重组创制出新的等位变异概率越高,理论上更易实现产量、品质等多个优异等位变异的聚合。因此,遗传物质来源决定了育成品种的产量、品质和抗性。

谭正宝^[31]分析发现1923—2005年地方大豆品种‘嘟噜豆’直接或间接育成313份品种,地方品种‘铁荚四粒黄’育成品种281份。孙志强等^[32]用系谱分析法分析了52份吉林省育成的大豆品种与其祖先品种间的亲缘系数发现,39个祖先品种是育成品种中最重要的遗传物质供体;如‘铁荚四粒黄’‘满仓金’‘十胜长叶’‘黄宝珠’和‘榆树洋蜜蜂’等,前10个祖先品种的累积遗传贡献为63.52%。王振民等^[33]对建国以来育成的100份大豆品种的亲缘关系进行分析,发现遗传物质主要源于‘黄宝珠’‘铁荚四粒黄’‘丰地黄’‘小金黄’‘珲春豆’和‘群选一号’6个大豆品种。董岭超等^[34]对吉林省育成大豆品种的遗传贡献率进行分析发现,以‘吉林20’和‘吉林30’直接和间接育成的品种有100个。崔永实等^[35]针对吉林省

1987—2002年审(认)定的108份大豆品种进行系谱分析,结果显示育成品种的主要遗传成份由少数亲本占主导地位,品种之间的亲缘关系相对较近。任翠翠^[36]对吉林省重要原始亲本引用频率及贡献值进行分析,吉林省育成品种中引用频率较高的是‘四粒黄’‘嘟噜豆’‘铁荚四粒黄’等。综上,2000年之前吉林省育成的品种遗传基础相对较狭窄,遗传物质主要来源于‘铁荚四粒黄’‘丰地黄’‘黄宝珠’‘嘟噜豆’等。本研究结果表明,‘嘟噜豆’和‘铁荚四粒黄’的遗传物质来源于单元A和B,通过上述分析A+B单元的遗传组成也应该为上述的骨干品种。

张伟等^[37]对1923—2007年吉林省育成大豆品种的亲缘关系进行了分析,2000年开始引入省外遗传物质‘合丰25’‘绥农8号’‘东农42’‘绥农14’‘辽豆3号’‘鲁豆4号’‘河北黄大豆’等,以及国外品种‘荷引10号’‘Kosalrd’‘P9231’‘Sprite’‘Centry-2’‘Kosalrd’等。董博洋^[38]对2010—2020年国外大豆种质在吉林大豆品种改良中的作用进行了分析发现,主要有‘十胜长叶’‘Williams’‘Franklin’‘加拿大4号’‘荷引10号’‘日本豆’等。本研究鉴定到异源遗传物质单元C和D,应该来源于以上分析的省外和国外品种。此外单元C和D的平均期望杂合度

分别为0.498 1和0.680 6,表明单元D的遗传物质来源更丰富。利用分子标记评价与鉴定大豆品种的遗传多样性,是挖掘优良育种材料、提高育种效率的有效工具^[39]。张逸鸣等^[40]利用SSR分子标记技术以其他14个省份的大豆品种为对照,对吉林省1990—2004年育成的56份大豆品种进行遗传多样性分析,结果表明吉林省育成品种与外省品种相比遗传基础变异较少,要拓宽吉林省品种的遗传基础应引入外省遗传亲缘关系远的品种。本研究通过对299份样本进行遗传多样性和相关参数的分析发现,2003—2022年吉林省选育的大豆品种(系)遗传多样性随着育种进程发展不断提高,遗传物质来源也越来越丰富。Chander等^[41]用覆盖大豆基因组的SNP分子标记对165个撒哈拉以南的非洲大豆品种进行基因分型,测出样本群体遗传多样性为0.414,平均PIC为0.324,聚类为3大类。

由于PIC取决于等位基因的个数和频率分布这2个因素,因此被广泛用于衡量标记位点的多态性^[26]。本研究中总样本群体遗传多样性为0.405,平均PIC为0.319,划分为4大类群;与非洲南部的样本群体比较遗传多样性和平均PIC都略低,表明本研究总样本群体的遗传物质组成不够丰富;但第4遗传结构类群的152份材料的遗传多样性高于非洲南部的大豆品种。可见,样本群体的选择决定了遗传多样性指数的高低。

大豆的遗传多样性越丰富,扩展其分布范围和开拓新环境的适应能力就越强^[42]。栽培大豆在长期驯化过程中,由于人为的选择,丢失了许多优良性状,造成栽培大豆的遗传背景狭窄,在面对突如其来的生物逆境胁迫时,会导致受害严重^[43]。野生大豆(*Glycine soja* Sieb. & Zucc.)是栽培大豆(*Glycine max* (L.) Merr.)的近缘野生种,其遗传多样性比栽培大豆更为丰富,蕴藏着栽培大豆中没有的优异基因,是大豆遗传改良的重要基因源,吉林省育种者也较早地开展了对野生大豆的研究和利用^[44]。但由于野生大豆蔓生、易炸荚等不利于高产的遗传性状,导致其利用效率低。徐豹等^[45]综合分析野生大豆的起源分类、形态发育和生态性状及利用研究后提出,野生大豆缠绕性强、蔓生,高纬度材料会出现“畸形荚”,低纬度材料会出现“迟结荚”现象,这都将造成野生大豆利用效率降低。韩德志等^[46]在大豆炸荚发生规律及分子遗传基础研究中提到野生大

豆炸荚是繁殖后代的一种典型特征,是导致产量损失的主要因素之一。本研究鉴定的外引遗传物质单元D的遗传构成更复杂应该含有部分野生大豆的遗传物质,但是占比不高;分子标记分析也证明了野生大豆的遗传物质能有效拓宽遗传基础^[26],但是在育种中如何高效利用应该进一步试验研究。

4 结 论

对选用的299份吉林省2003—2022年育成的大豆品种(系)做遗传多样性分析,分子标记多态信息PIC范围为0.009 9~0.556 1,平均值0.318 4,表明样本群体总体遗传背景较为狭窄。品种间遗传相似系数在44.86%~95.46%,平均值63.40%,参试品种(系)间两两比较,遗传差异较大,与样本群体亲本来源广有关。根据遗传距离和STRUCTURE遗传结构预测,可将参试材料划分为4个类群,随着育种进程发展,类群的异源遗传物质占比由高到低为4>3>2>1,第4类群异源遗传物质占比已达46.80%,遗传多样性也最高。

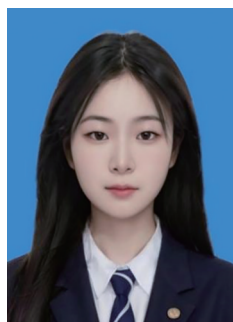
参考文献 References

- [1] 刘玉林. 大豆遗传图谱构建及重要农艺性状QTL定位[D]. 北京: 中国农业科学院, 2011
Liu Y L. Construction of genetic map and QTL localisation of important agronomic traits in soybean [*Glycine max* (L.) Merr] [D]. Beijing: Chinese Academy of Agricultural Sciences, 2011 (in Chinese)
- [2] 钟雁明. 大豆贸易格局演变[J]. 中国海关, 2023 (3): 74-75
Zhong Y M. Evolution of soybean trade pattern [J]. *China Customs*, 2023 (3): 74-75 (in Chinese)
- [3] 潘晓卉. 东北地区大豆生产布局变化及影响因素分析[D]. 长春: 中国科学院大学(中国科学院东北地理与农业生态研究所), 2019
Pan X H. Analysis of changes in soybean production layout and influencing factors in Northeast China [D]. Changchun: University of Chinese Academy of Sciences (Institute of Northeast Geography and Agroecology, Chinese Academy of Sciences), 2019 (in Chinese)
- [4] 王雪娇, 苏二虎, 李强, 赵晓宇, 陈强, 贾利敏, 王新华. 151份大豆种质的CDDP标记遗传多样性分析[J]. 园艺与种苗, 2021, 41(1): 58-61, 67
Wang X J, Su E H, Li Q, Zhao X Y, Chen Q, Jia L M, Wang X H. Analysis of genetic diversity of 151 soybean germplasm by CDDP marker [J]. *Horticulture & Seed*, 2021, 41(1): 58-61, 67 (in Chinese)
- [5] 吴慧. 基于亲本系数、SRAP分子标记的中国黄淮海和南方大豆育成品种遗传多样性分析[D]. 南昌: 南昌大学, 2017
Wu H. Genetic diversity soybean cultivar released based on COP, SRAP marker in Huanghuaihai and South China [D]. Nanchang: Nanchang University, 2017 (in Chinese)
- [6] 陈琪. 基于TRAP分子标记的中国黄淮海和南方大豆育成品种遗传多样性分析[D]. 南昌: 南昌大学, 2018
Chen Q. Genetic diversity soybean cultivar released based on TRAP marker in Huanghuaihai and South China [D]. Nanchang: Nanchang

- University, 2018 (in Chinese)
- [7] 赵丹丹. 东北地区野生大豆(*Glycine soja*)的遗传多样性分析[D]. 济南: 山东师范大学, 2017
- Zhao D D. Genetic diversity analysis of wild soybean (*Glycine soja*) in Northeast China [D]. Jinan: Shandong Normal University, 2017 (in Chinese)
- [8] 李之国, 李喜焕, 张彩英, 马峙英. 基于农艺性状和 AFLP 位点的菜用大豆遗传多样性[J]. 中国油料作物学报, 2007, 29(4): 391-396
- Li Z G, Li X H, Zhang C Y, Ma Z Y. Genetic diversity assessment of vegetable soybean varieties based on agronomic characters and AFLPs [J]. *Chinese Journal of Oil Crop Sciences*, 2007, 29 (4): 391-396 (in Chinese)
- [9] Akkaya M S, Bhagwat A A, Cregan P B. Length polymorphisms of simple sequence repeat DNA in soybean [J]. *Genetics*, 1992, 132(4): 1131-1139
- [10] 李明松, 吴俐, 吕美琴, 康蓉蓉, 王金钱, 曾红英. 福建省春大豆地方品种遗传多样性分析[J]. 福建农业学报, 2014, 29(6): 524-529
- Li M S, Wu L, Lu M Q, Kang R R, Wang J X, Zeng H Y. Genetic diversity of spring soybean landraces in Fujian [J]. *Fujian Journal of Agricultural Sciences*, 2014, 29(6): 524-529 (in Chinese)
- [11] 林春雨, 梁晓宇, 赵慧艳, 王洋. 黑龙江省主栽大豆品种遗传多样性和群体结构分析[J]. 作物杂志, 2019(2): 78-83
- Lin C Y, Liang X Y, Zhao H Y, Wang Y. Analysis of genetic diversity and population structure of main soybean varieties in Heilongjiang Province [J]. *Crops*, 2019(2): 78-83 (in Chinese)
- [12] 李琼, 耿臻, 杨青春, 舒文涛, 李金花, 常世豪, 张东辉, 张保亮. 黄淮海 50 份大豆种质资源 SSR 遗传多样性分析[J]. 种子, 2021, 40(8): 39-44, 50
- Li Q, Geng Z, Yang Q C, Shu W T, Li J H, Chang S H, Zhang D H, Zhang B L. Genetic diversity analysis of 50 soybean germplasms in Huanghuaihai based on SSR [J]. *Seed*, 2021, 40(8): 39-44, 50 (in Chinese)
- [13] Wang Q, Zhang H X. Population genetic structure and biodiversity conservation of a relict and medicinal subshrub *Capparis spinosa* in arid Central Asia [J/OL]. *Diversity*, (2022-02-17). DOI: 10.3390/d14020146
- [14] 余泽文. 中国油菜强优势杂交种亲本的遗传多样性分析[D]. 武汉: 华中农业大学, 2020
- Yu Z W. Genetic diversity analysis of parents of rape heterosis hybrids in China [D]. Wuhan: Huazhong Agricultural University, 2020 (in Chinese)
- [15] Hao D R, Cheng H, Yin Z T, Cui S Y, Zhang D, Wang H, Yu D Y. Identification of single nucleotide polymorphisms and haplotypes associated with yield and yield components in soybean (*Glycine max*) landraces across multiple environments [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2012, 124(3): 447-458
- [16] Liu Z X, Li H H, Wen Z X, Fan X H, Li Y H, Guan R X, Guo Y, Wang S M, Wang D C, Qiu L J. Comparison of genetic diversity between Chinese and American soybean (*Glycine max* (L.)) accessions revealed by high-density SNPs [J/OL]. *Frontiers in Plant Science*, (2017-11-30). DOI: 10.3389/fpls.2017.02014
- [17] 肖颖妮, 于永涛, 谢利华, 祁喜涛, 李春艳, 文天祥, 李高科, 胡建广. 基于 SNP 标记揭示中国鲜食玉米品种的遗传多样性[J]. 作物学报, 2022, 48(6): 1301-1311
- Xiao Y N, Yu Y T, Xie L H, Qi X T, Li C Y, Wen T X, Li G K, Hu J G. Genetic diversity of Chinese fresh corn hybrids using SNP Chips [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2022, 48(6): 1301-1311 (in Chinese)
- [18] 曹廷杰, 谢菁忠, 吴秋红, 陈永兴, 王振忠, 赵虹, 王西成, 詹克慧, 徐如强, 王际睿, 罗明成, 刘志勇. 河南省近年审定小麦品种基于系谱和 SNP 标记的遗传多样性分析[J]. 作物学报, 2015, 41(2): 197-206
- Cao T J, Xie J Z, Wu Q H, Chen Y X, Wang Z Z, Zhao H, Wang X C, Zhan K H, Xu R Q, Wang J R, Luo M C, Liu Z Y. Genetic diversity of registered wheat varieties in Henan Province based on pedigree and single-nucleotide polymorphism [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2015, 41(2): 197-206 (in Chinese)
- [19] 武林琳. 两种转基因大豆基因组 DNA 提取方法的比较[J]. 现代农村科技, 2022, (3): 60-62
- Wu L L. Comparison of two methods for extracting genomic DNA from transgenic soybean [J]. *Xiandai Nongcun Keji*, 2022, (3): 60-62 (in Chinese)
- [20] 刘慧婷. 生物技术, 服务新时代农业发展: 访北京康普森生物技术有限公司董事长刘继强[J]. 中国商界, 2017(10): 98-101
- Liu H T. Biotechnology, serving the agricultural development in the new era: Interview with Liu Jiqiang, Chairman of Beijing Compassion Biotechnology Co Ltd [J]. *Business China*, 2017(10): 98-101 (in Chinese)
- [21] Liu K J, Muse S V. PowerMarker: An integrated analysis environment for genetic marker analysis [J]. *Bioinformatics*, 2005, 21(9): 2128-2129
- [22] 魏世平. 大豆栽培品种主要农艺性状与 SSR 标记的关联分析[D]. 南京: 南京农业大学, 2010
- Wei S P. Association analysis between SSR markers and major agronomic traits in cultivated soybean (*Glycine Max* L Merr) [D]. Nanjing: Nanjing Agricultural University, 2010 (in Chinese)
- [23] Peakall R, Smouse P E. Genalex 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research [J]. *Molecular Ecology Notes*, 2006, 6(1): 288-295
- [24] Sherwin W B, Jabot F, Rush R, Rossetto M. Measurement of biological information with applications from genes to landscapes [J]. *Molecular Ecology*, 2006, 15(10): 2857-2869
- [25] Pritchard J K, Stephens M, Donnelly P. Inference of population structure using multilocus genotype data [J]. *Genetics*, 2000, 155(2): 945-959
- [26] 齐广勋, 王英男, 袁翠平, 王玉民, 刘晓冬, 李玉秋, 董英山, 赵洪银. 基于 SSR 标记的不同地理生态型野生大豆遗传多样性分析[J]. 大豆科学, 2021, 40(3): 334-343
- Qi G X, Wang Y N, Yuan C P, Wang Y M, Liu X D, Li Y Q, Dong Y S, Zhao H K. Genetic diversity analysis of wild soybean (*Glycine soja*) populations with different geographic ecotypes based on SSR markers [J]. *Soybean Science*, 2021, 40(3): 334-343 (in Chinese)
- [27] Evanno G, Regnaut S, Goudet J. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: A simulation study [J]. *Molecular Ecology*, 2005, 14(8): 2611-2620
- [28] 马晓萍, 邱红梅, 杨振宇, 陈健, 高淑芹, 侯云龙, 王跃强. 芽菜用小粒大豆新品种吉育 109 的选育[J]. 大豆科技, 2015, (5): 56-58
- Ma X P, Qiu H M, Yang Z Y, Chen J, Gao S Q, Hou Y L, Wang Y Q. The breeding and cultivation techniques for new soybean variety JiYu 109 [J]. *Soybean Science & Technology*, 2015, (5): 56-58 (in Chinese)
- [29] 程延喜, 孔祥梅, 王曙明, 彭宝, 张伟龙, 王跃强, 张鸣浩, 赵丽梅, 王富成. “十五”期间吉林省大豆育成品种及其评价[J]. 吉林农业科学, 2008, (2): 8-9, 19
- Cheng Y X, Kong X M, Wang S M, Peng B, Zhang W L, Wang Y Q, Zhang M H, Zhao L M, Wang F C. Evaluation of soybean varieties bred at the tenth-five-year period in Jilin Province [J]. *Journal of Jilin Agricultural Sciences*, 2008, 33(2): 8-9, 19 (in Chinese)

- [30] 郑淑波, 于盛竹, 赵洪锟, 袁翠平, 刘晓冬, 齐广勋, 董英山, 王玉民. 利用ISSR标记评价黑龙江和吉林小粒大豆品种遗传多样性[J]. 大豆科学, 2018, 37(3): 347-352
- Zheng S B, Yu S Z, Zhao H K, Yuan C P, Liu X D, Qi G X, Dong Y S, Wang Y M. Genetic diversity of small seeded soybean varieties from Heilongjiang and Jilin assessed by ISSR markers[J]. *Soybean Science*, 2018, 37(3): 347-352 (in Chinese)
- [31] 谭正宝. 中国东北大豆育成品种(1923-2005)系谱和遗传多样性分析[D]. 南昌: 南昌大学, 2008
- Tan Z B. The pedigree and genetic diversity on soybean cultivars released during 1923-2005 in Northeast China [D]. Nanchang: Nanchang University, 2008 (in Chinese)
- [32] 孙志强, 田佩占, 王继安. 东北地区大豆品种血缘组成分析[J]. 大豆科学, 1990, 9(2): 112-120
- Sun Z Q, Tian P Z, Wang J A. Analysis of the parentage compositions among soybean cultivars developed in the Northeast of China [J]. *Soybean Science*, 1990, 9(2): 112-120 (in Chinese)
- [33] 王振民, 康波, 邓劭华. 吉林省育成大豆品种的亲缘关系及其育种体会[J]. 农业与技术, 1995, 15(1): 4-5
- Wang Z M, Kang B, Deng S H. Genetic relationship and breeding experience of soybean varieties bred in Jilin Province [J]. *Agriculture and Technology*, 1995, 15(1): 4-5 (in Chinese)
- [34] 董岭超, 闫晓艳, 邱强, 杨振宇, 李曙光, 张伟, 闫日红. 大豆品种吉林20、30对育成品种的遗传贡献分析[J]. 作物杂志, 2010, (4): 93-97
- Dong L C, Yan X Y, Qiu Q, Yang Z Y, Li S G, Zhang W, Yan R H. Genetic contribution of Jilin 20 and Jilin 30 to released soybean cultivars [J]. *Crops*, 2010, (4): 93-97 (in Chinese)
- [35] 崔永实, 安仁善, 曲刚, 毕亚荣, 张健, 李福林, 崔明元, 刘长萍. 吉林省大豆品种系谱分析[J]. 农业与技术, 2004, 24(6): 101-107
- Cui Y S, An R S, Qu G, Bi Y R, Zhang J, Li F L, Cui M Y, Liu C P. Spectrum analysis of soybean varieties in Jilin Province [J]. *Agriculture and Technology*, 2004, 24(6): 101-107 (in Chinese)
- [36] 任翠翠. 历年来东北育成大豆品种的品质、产量及系谱研究[D]. 延吉: 延边大学, 2016
- Ren C C. Research on quality, yield and genealogy of soybean varieties bred in Northeast China over the years [D]. Yanji: Yanbian University, 2016 (in Chinese)
- [37] 张伟, 王曙明, 邱强, 张鸣浩, 闫晓艳, 付蕾, 张征. 从品种志分析吉林省大豆八十五年来育成品种的亲本来源[J]. 大豆科学, 2010, 29(2): 199-206
- Zhang W, Wang S M, Qiu Q, Zhang M H, Yan X Y, Fu L, Zhang Z. Analysis on parent resources of released soybean cultivar during past 85 years in Jilin Province [J]. *Soybean Science*, 2010, 29(2): 199-206 (in Chinese)
- [38] 董博洋. 国外大豆种质在吉林省大豆品种改良中的作用分析[D]. 长春: 吉林农业大学, 2021
- Dong B Y. Analysis of the role of foreign soybean germplasm in the improvement of soybean varieties in Jilin Province [D]. Changchun: Jilin Agricultural University, 2021 (in Chinese)
- [39] 王涛, 扈艳萍, 朱华, 张子君, 邹庆道. 基于SNP和SSR分子标记的番茄种质资源遗传多样性分析[J]. 分子植物育种, 2020, 18(15): 5143-5149
- Wang T, Hu Y P, Zhu H, Zhang Z J, Zou Q D. Genetic diversity analysis of tomato germplasm resources based on SNP and SSR molecular markers [J]. *Molecular Plant Breeding*, 2020, 18(15): 5143-5149 (in Chinese)
- [40] 张逸鸣, 李英慧, 郑桂萍, 常汝镇, 邱丽娟. 吉林省大豆育成品种的遗传多样性特点分析[J]. 植物遗传资源学报, 2007, 8(4): 456-463
- Zhang Y M, Li Y H, Zheng G P, Chang R Z, Qiu L J. Change of genetic diversity for soybean cultivars from Jilin [J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2007, 8(4): 456-463 (in Chinese)
- [41] Chander S, Garcia-Oliveira A L, Gedil M, Shah T, Otusanya G O, Asiedu R, Chigeza G. Genetic diversity and population structure of soybean lines adapted to sub-Saharan Africa using single nucleotide polymorphism (SNP) markers [J/OL]. *Agronomy*, (2021-03-22). DOI: 10.3390/agronomy11030604
- [42] Huenneke L F. Ecological implications of genetic variation in plant populations [M]// Falk D A, Holsinger K E. *Genetics and Conservation of Rare Plants*. New York: Oxford University Press, 1991
- [43] 杨俊军. 野生大豆资源调查、生物学特性与遗传多样性研究[D]. 武汉: 华中农业大学, 2009
- Yang J J. Investigation on the resources of wild soybean (*Glycine Soja*) and research on its biological characters and genetic diversity [D]. Wuhan: Huazhong Agricultural University, 2009 (in Chinese)
- [44] 张春宝, 林春晶, 赵丽梅, 董英山, 赵洪锟, 王玉民. 分子标记研究野生大豆遗传多样性进展[J]. 大豆科学, 2018, 37(1): 8-13
- Zhang C B, Lin C J, Zhao L M, Dong Y S, Zhao H K, Wang Y M. Advances in evaluation of genetic diversity in wild soybean by molecular markers [J]. *Soybean Science*, 2018, 37(1): 8-13 (in Chinese)
- [45] 徐豹. 中国野生大豆(*G soja*)研究十年[J]. 吉林农业科学, 1989, 14(1): 5-13
- Xu B. A decade of wild soybean (*G soja*) research in China [J]. *Journal of Jilin Agricultural Sciences*, 1989, 14(1): 5-13 (in Chinese)
- [46] 韩德志, 任玉龙, 郭勇, 闫洪睿, 张雷, 鹿文成, 邱丽娟. 大豆炸荚发生规律及分子遗传基础[J]. 遗传, 2015, 37(6): 535-543
- Han D Z, Ren Y L, Guo Y, Yan H R, Zhang L, Lu W C, Qiu L J. Occurrence characteristics and molecular genetic basis of pod shattering in soybean [J]. *Hereditas*, 2015, 37(6): 535-543 (in Chinese)

责任编辑: 吕晓梅



第一作者简介: 吕叶, 吉林农业大学农学院农艺与种业专业研究生。参与课题: “十四五”国家重点研发计划(2021YFD1201603)子课题1项, 所获奖励: 2023年吉林农业大学校级学业奖学金。



通讯作者简介:邱红梅,吉林省农业科学院大豆研究所副研究员,硕士生导师。主要从事大豆种质资源鉴定与利用研究,先后主持国家及省部级科研项目等10余项。研究成果获省部级科技奖励4项;获国家发明专利11件;获植物新品种权9项;制定吉林省地方标准2项;在国内外学术期刊发表论文50余篇;育成大豆新品种23个。



通讯作者简介:于维,高级农艺师,主要从事品种试验审定及推广工作,吉林省种子管理总站高级农艺师。先后负责大豆、水稻品种试验管理以及新品种展示示范及跟踪评价工作,获省部级科技奖励6项;在国内外学术期刊发表论文20余篇。