

## 用 SSR 分子标记解析大豆品种绥农 14 与系谱亲本间的遗传关系

秦 君<sup>2,3</sup>, 李英慧<sup>1</sup>, 刘章雄<sup>1</sup>, 关荣霞<sup>1</sup>, 张孟臣<sup>3</sup>, 常汝镇<sup>1</sup>, 李广敏<sup>2,3</sup>, 马峙英<sup>2</sup>, 邱丽娟<sup>1</sup>

<sup>1</sup>中国农业科学院作物科学研究所/国家农作物基因资源与遗传改良重大科学工程/农业部作物种质资源利用重点开放实验室, 北京 100081;

<sup>2</sup>河北农业大学农学院, 河北保定 071001; <sup>3</sup>河北省农林科学院粮油作物研究所, 石家庄 050031)

**摘要:**【目的】绥农 14 是目前中国推广面积最大的大豆品种, 该品种由 17 个亲本经 5 次杂交而成, 其中包括 5 个祖先亲本和 2 个国外种质。对绥农 14 系谱亲本的遗传关系进行深入研究, 为大豆育种的亲本选择提供理论依据。【方法】用分布于大豆基因组的 550 个 SSR 位点结合系谱分析的方法研究绥农 14 系谱亲本间的遗传关系。

【结果】利用 Treecon (Neighbour-joining 方法) 对绥农 14 系谱亲本进行聚类, 发现绥农 14 系谱亲本随培育时期不同而聚在不同类别, 与亲本来源及组合方式存在一定的关系。分析绥农 14 系谱中遗传物质的传递, 发现在 12.97% 的位点上子代拥有与父母本均不相同的等位变异, 品种育成年代越早这种现象越明显。47.72% 的位点能够追溯到亲本来源, 除绥农 14 接受父母本遗传物质相当外, 其它 4 个品种均有偏亲现象, 来自父本的遗传物质多于母本。经过 5 代的遗传重组, 绥农 14 的遗传物质与祖先亲本相比已发生了很大的改变。【结论】绥农 14 及其系谱亲本的遗传关系反映了品种更新换代的特征及组合方式的变化, 研究表明 SSR 不仅能用来分析系谱亲本间的遗传关系也可以有效地用来分析遗传物质在系谱中的传递。

**关键词:** 绥农 14; 系谱; SSR; 遗传关系

## Genetic Relationship Among Parents of Elite Soybean (*Glycine max*) Cultivars Suinong14 Pedigree Revealed by SSR Markers

QIN Jun<sup>2,3</sup>, LI Ying-hui<sup>1</sup>, LIU Zhang-xiong<sup>1</sup>, GUAN Rong-xia<sup>1</sup>, ZHANG Meng-chen<sup>3</sup>, CHANG Ru-zhen<sup>1</sup>, LI Guang-min<sup>2,3</sup>, MA Zhi-ying<sup>2</sup>, QIU Li-juan<sup>1</sup>

<sup>1</sup>The National Key Facility for Crop Gene Resources and Genetic Improvement / Key Laboratory of Germplasm and Utilization, Ministry of Agriculture/Institute of Crop Sciences, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081; <sup>2</sup>Deptment of Agronomy, Agricultural University of Hebei, Baoding 071000, Hebei; <sup>3</sup>Hebei Academy of Agricultural and Forestry Science, Shijiazhuang 050031, Hebei)

**Abstract:** 【Objective】 Suinong14 is the largest-scale grown soybean (*Glycine max* L.) cultivar and the typical elite cultivar in China. Tracing its breeding pedigree, it was found that Suinong14 was bred from five generations of recombination between 17 genotypes including five domestics and two overseas. The genetic structure of Suinong14 pedigree was analyzed to provide useful information for the selection of parents in soybean breeding. 【Method】 550 SSR loci, distributed in 20 linkage groups were analyzed to explain the evolvement and genetic relationship of Suinong 14 and its pedigree. 【Result】 SSR data were analyzed with Treecon soft (Neighbour-joining method). The clustered results of the accessions were different because of the difference of parental original and mating types. Parental inheritance and transmission of microsatellite alleles through the generations of the pedigrees were analyzed. The results confirmed the occurrence of inconsistent alleles, 20.84% of all loci, which were not found in both parents.

收稿日期: 2007-12-11; 接受日期: 2008-05-12

基金项目: 国家“863”高技术研究发展计划 (2006AA100104; 2006AA10A110); 国家自然科学基金 (30490251) 和国家科技支撑计划 (2006BAD13B05)

作者简介: 秦 君 (1972—), 女, 河北赞皇人, 副研究员, 博士研究生, 研究方向为大豆遗传育种。Tel: 0311-87670626, Fax: 0311-87670653; E-mail: hbnkydd@163.com。通讯作者邱丽娟 (1963—), 女, 黑龙江鹤岗人, 研究员, 研究方向为大豆优异基因资源发掘与利用。Tel: 010-62135623, Fax: 010-68976244; E-mail: qiu\_lujuan@263.net。马峙英 (1958—), 男, 河北新乐人, 教授, 研究方向为作物育种目标性状的遗传与改良。Tel: 0312-7521489, Fax: 0311-7521489; E-mail: mzhy@mail.hebau.edu.cn

Most inconsistencies were found for ancestors Fengshou6 (21.85). Despite these difficulties approximately 47.72% of all loci were informative for determining the parental inheritance and indicated two situations: either a predominant impact of one of the parents was observed in the developed genotype. Alternatively, in some cases alleles have been transmitted to the new genotype from both parents in equal, or close to equal ratios in cultivar Suinong14. The genetic constitute of Suinong 14 is greatly changed compared with ancestor through five generations of recombination. 【Conclusion】 The characteristics of the times and mating types led to diversity of genetic structure of Suinong 14 pedigree. The results confirm the importance and informative value of microsatellite markers for parental inheritance as well as for genetic relationship studies in soybean.

**Key words:** Suinong14; Pedigree; Microsatellite markers; Genetic relationship

## 0 引言

【研究意义】中国已育成大豆品种有 1 000 余个, 这些品种在中国大豆生产发展中发挥了重要作用。育种实践表明, 优良的品种常出自少数亲本及其组合, 20 世纪 70 年代占美国中北部生产面积 65.8% 的 11 个大豆品种及占南部地区 82.9% 的 9 个大豆品种, 其主要亲本只有 17 个<sup>[1]</sup>; 崔章林等分析了中国 1923~1992 年育成的 651 个大豆品种的系谱<sup>[2]</sup>, 发现许多新品种来自一些主要亲本: 正确选配组合是育种成功与否的关键。因此, 总结已育成优良品种的系谱, 发现亲本选配的规律对于指导育种具有重要的理论和实践意义。【前人研究进展】国内外大豆育种家开展了许多育成品种的系谱分析工作, 包括编写品种志、绘制系谱图表、分析遗传贡献值等<sup>[3-5]</sup>, 为亲本选配提供了参考依据。Bernard 等在 20 世纪 80 年代分析了美国大豆育成品种的系谱<sup>[6]</sup>, Allen 等、Bhardwaj 等和 Carter 等以共祖先度为指标研究了美国大豆育成品种之间的亲缘关系<sup>[1,7-8]</sup>, 盖钧镒等在分析 1923~1995 年育成的 651 个中国大豆品种系谱基础上, 计算每个育成品种祖先亲本的细胞核和细胞质遗传贡献值, 评选出 38 个对中国和中国三大生态区域遗传贡献最大的亲本种质<sup>[9-11]</sup>。邱家驹等分析了苏沪地区品种的遗传物质, 分别总结出 10 份细胞核及 6 份细胞质遗传贡献最大的亲本种质<sup>[12]</sup>。上述研究都是从系谱追踪和遗传贡献率角度进行亲缘关系和遗传关系分析的。随着分子标记的发展及遗传图谱上分子标记的密集化, 越来越多的分子标记被用于系谱研究。Dreisigacker 等利用 99 个 SSR 标记对来自不同地区的 68 个小麦品种的遗传关系和系谱关系进行了分析, 结果表明 SSR 是反映种质间遗传多样性的有效工具<sup>[13]</sup>。Almanza-Pinz'on 等利用 8 对 RFLP 标记和 37 对 SSR 标记结合系谱信息对 70 个春小麦种质的遗传多样性进行分析, 结果表明在系谱信息已知情况下, AFLP 和 SSR 所揭示的品种间的遗传关系与依据系谱血缘获得的共祖先系数信息相吻

合, 在系谱关系未知的情况下, 分子标记所得到的遗传信息更准确<sup>[14]</sup>。此外, 在大麦、玉米等作物也有类似的研究<sup>[15-16]</sup>。但以上研究只随机选用了少量标记, 并没有在全基因组展开研究, 且所选用的品种来自多个遗传信息不完整的系谱, 因此所得出的结论有一定的局限性。【本研究切入点】综上所述, 目前研究作物品种系谱关系的方法有两种, 一是传统的共祖先系数法, 另一种是基于分子水平的相似系数法, 而将系谱关系和相似系数相结合的遗传贡献率法未见应用<sup>[17]</sup>。绥农 14 是目前中国推广面积最大的东北春大豆品种, 追溯其系谱发现, 绥农 14 综合了国内外多个优良种质资源的优良性状, 集优质、高产、抗病、广适应性于一身<sup>[18-20]</sup>, 本研究欲在分子水平上用上述 3 种不同方法解析绥农 14 与其各代亲本间的遗传关系, 同时通过系谱上下代的关系分析各代亲本对绥农 14 的遗传贡献, 从而为培育大豆新品种的亲本选择提供指导。【拟解决的关键问题】通过绥农 14 系谱亲本遗传关系的分析, 阐明亲本对后代的遗传贡献。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料

绥农 14 系谱中包含有 17 个亲本, 其中有 5 个祖先亲本(金元、白眉、克山四粒荚、Amsoy、Tokachi nagaha) 被列在中国和三大生态区域遗传贡献最大的 38 份种质中, 而紫花 4 号、元宝金、丰收 6 号这 3 个亲本的衍生品种数分别为 114、85、57 个, 是应用频率最高的亲本<sup>[2]</sup>。绥农 14 的直接父本合丰 25 在黑龙江推广面积达 66.67 万公顷, 母本绥农 8 号是辽宁省中南部及黑龙江省南部主栽品种<sup>[19]</sup>。此外, 日本品种 Tokachi nagaha 和美国品种 Amsoy 的成功引进扩大杂交亲本范围, 提高绥农亲本的遗传基础<sup>[21]</sup>。60 年的品种选育过程可主要分为以下 4 个阶段: 第一阶段为 50 年代初以紫花 4 号、元宝金等代替生产上混杂的农家品种, 紫花四号的推广面积为  $3.3 \times 10^5$  ha; 第二阶段为 50 年代末 60 年代初以丰收 6 号为首的品种代替紫

花 4 号等品种; 第三个阶段为 20 世纪 60 年代末 70 年代初以丰收 10 号为首的品种代替丰收 6 号品种; 第 4 个阶段为 70 年代末 80 年代初合丰 23 号代替丰收 10 号<sup>[3]</sup>; 在此基础上, 合丰 25 和绥农 14 由这些品种有

性杂交育成。

由于绥 70-6、克 69-5236 和 F<sub>1</sub> 3 个材料未能保存下来, 故本研究只对该系谱中的其余 14 个品种进行分析 (表 1)。

表 1 绥农 14 系谱材料的亲本来源

Table 1 Name, origin and type of Suinong 14 pedigree

品种名称 Cultivars	统编号 National code	系谱来源 Pedigree origin	生态区 Ecological region	品种类型 Cultivar type	原产地 Origin
紫花 4 号 Zihua4	ZDD00087	白眉 Baimei	东北春大豆 NorthEast Spring soybean	系选品种 Selected pure lines	海伦 Hailun
元宝金 Yuanbaojin	ZDD00079	黄宝珠×元宝 Huangbaozhu×Jinyuan	东北春大豆 NorthEast Spring soybean	育成品种 Developed cultivar	黑龙江 Heilongjiang
丰收 6 号 Fengshou6	ZDD00030	紫花 4 号×元宝金 Zihua4×Yuanbaojin	东北春大豆 NorthEast Spring soybean	育成品种 Developed cultivar	克山 Keshan
克山四粒荚 Keshansilijia	ZDD00200	未查到 Unknown	东北春大豆 NorthEast Spring soybean	地方品种 Landrace	拜泉 Baiquan
小粒豆 9 号 Xiaolidou9	ZDD00223	未查到 Unknown	东北春大豆 NorthEast Spring soybean	地方品种 Landrace	勃利 Boli
丰收 10 号 Fengshou10	ZDD00034	丰收 6 号×克山四粒荚 Fengshou6×Keshansilijia	东北春大豆 NorthEast Spring soybean	育成品种 Developed cultivar	克山 Keshan
Tokachi nagaha	WDD01252	未查到 Unknown	未查到 Unknown	引进资源 Plant introduced	日本 Japan
合丰 23 号 Hefeng23	ZDD06821	小粒豆 9 号×丰收 10 号 Xiaolidou9×Fengshou10	东北春大豆 NorthEast Spring soybean	育成品种 Developed cultivar	合江 Hejiang
克 4430-20 Ke 4430-20	ZDD22682	克 69-5236×Tokachi nagaha K69-5236×Tokachi nagaha	东北春大豆 NorthEast Spring soybean	育成品种 Developed cultivar	克山 Keshan
Amsoy	WDD00528	Adams×Harosoy	未查到 Unknown	引进资源 Plant introduced	美国 America
绥农 4 号 Suinong4	ZDD06834	绥 70-6×Amsoy Sui70-6×Amsoy	东北春大豆 NorthEast Spring soybean	育成品种 Developed cultivar	绥化 Suihua
合丰 25 号 Hefeng25	ZDD06823	合丰 23 号×克 4430-20 Hefeng23×Ke4430-20	东北春大豆 NorthEast Spring soybean	育成品种 Developed cultivar	合江 Hejiang
绥农 8 号 Suinong8	ZDD17692	绥农 4 号×F <sub>1</sub> Suinong4×F <sub>1</sub>	东北春大豆 NorthEast Spring soybean	育成品种 Developed cultivar	绥化 Suihua
绥农 14 号 Suinong14	ZDD22648	合丰 25 号×绥农 8 号 Hefeng25×Suinong8	东北春大豆 NorthEast Spring soybean	育成品种 Developed cultivar	绥化 Suihua

## 1.2 试验方法

1.2.1 引物的选取 在全基因组每隔 3 cM 选择一个 SSR 位点<sup>[22]</sup>, 对绥农亲本进行全基因组扫描。共对 550 个 SSR 位点进行了检测, SSR 引物序列来自于美国农业部大豆基因组数据库 (<http://Soybase.org/resources/ssr.php>), 由上海生工生物工程技术服务有限公司合成。

1.2.2 DNA 的提取与纯化 基因组 DNA 的提取采用 SDS 法, 并稍有改动<sup>[23]</sup>, 纯化采用酚-氯仿法。

1.2.3 PCR 反应与电泳检测 20 μl 反应体系中加入 30 ng 大豆基因组 DNA, 2 μl PCR buffer, 2 μl 1.5 mmol·L<sup>-1</sup> Mg<sup>2+</sup>, 终浓度为 0.15 mmol·L<sup>-1</sup> 的 dNTP, 1U

Taq DNA 聚合酶, 0.15 μmol·L<sup>-1</sup> 引物。PCR 程序为在 95℃ 预变性 5 min 后, 按 94℃, 30 s; 47℃, 30 s; 72℃, 30 s 的条件进行 35 个循环; 最后 72℃ 延伸 5 min。反应在 PE9600 上进行。PCR 产物进行聚丙烯酰胺凝胶电泳, 定影。室温干燥后统计谱带或照相。

1.2.4 系谱遗传关系的计算方法 相似系数法 (similarity coefficient, SC 法): 这种方法是分子标记分析常用的方法, 即不考虑每个 SSR 位点在世代间的传递, 只比较等位变异的相同与否。与祖先亲本相同的等位变异记作“1”, 不同的等位变异记作“0”。如果等位变异与祖先亲本相同, 就认为是来自祖先亲本, 成对品种相似系数用 Nei 和 Li 算法 (1979),

计算公式为  $S_{ij} = 2N_{ij} / (N_i + N_j)$ 。其中  $N_{ij}$  为两个品种共有的等位变异,  $N_i$ 、 $N_j$  分别为第  $i$  和第  $j$  品种各自的等位变异数<sup>[24]</sup>, 由 NTSYS 2.1 软件完成<sup>[25]</sup>。

遗传贡献率法 (genetic contribution, GC 法): 根据品种的系谱图, 比较品种与其直接亲本的等位变异, 与直接亲本相同的等位变异记作“1”, 不同的等位变异记作“0”。亲本 A 对自交系后代 X 的贡献用  $\lambda_{A \rightarrow X}$  表示, 亲本 B 对自交系后代 X 的贡献用  $\lambda_{B \rightarrow X}$  表示, A 和 X 间的期望标记相似性为  $S_{AX}$ , 遗传贡献率为

$$\lambda_{A \rightarrow X} = \frac{S_{AX} - S_{BX}S_{AB}}{1 - (S_{AB})}$$

直接父母本对子代位点贡献数的计算方法: 追踪位点时, 不是所有的位点都有意义, 只有那些在父母本之间检测出多态性, 且子代与亲本之一的等位变异相同的位点才能追踪到直接亲本来源, 甚至更高代亲本。以下 3 种情况均不能追踪到直接亲本来源, 第一种情况是子代与父母本在同一位点具有相同的等位变异; 第二种情况是后代存在与父母本均不相同的等位变异; 第三种情况是双亲或亲本之一缺失。

间接亲本对绥农 14 位点贡献数的计算方法: 寻找就近亲本, 根据上下代的关系, 按照直接父母本对子代位点贡献数的计算方法依次统计。

1.2.5 统计分析 以二进制来记录凝胶电泳结果, 在指定迁移位置有带记为“1”, 无带记为“0”, 构建所有引物扩增结果数据库。利用 Treecon 软件构建参试种质的系统树 (bootstraps 运行次数为 1 000 次)<sup>[26]</sup>。

## 2 结果与分析

### 2.1 利用 SC 法解析绥农 14 系谱品种间的遗传关系

选取分布于大豆公共图谱 20 个连锁群的 550 个位点在绥农 14 系谱亲本中进行检测, 多态性位点为 477 个 (图 1), 占全部位点的 86.72%, 利用 Treecon (Neighbour-joining 方法, 1 000 次 bootstrap) 对绥农 14 系谱品种进行聚类分析 (图 2), 所构建的树状图与实际系谱图相符 (图 3), 证明 SSR 标记是鉴定大豆系谱种质资源遗传关系的一条有效途径。

根据 SSR 标记的聚类结果, 绥农 14 系谱亲本的选择过程可分为 3 个阶段: 第一阶段是 40 年代初到

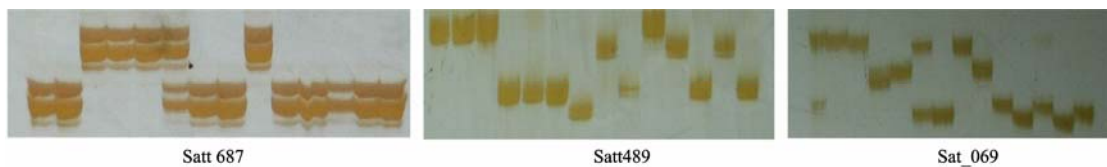


图 1 绥农 14 系谱亲本在 Satt687、Satt489 和 Sat\_069 的等位变异

Fig. 1 The specific alleles of Suinong 14 pedigree on site Satt487, Satt489 and Sat\_069

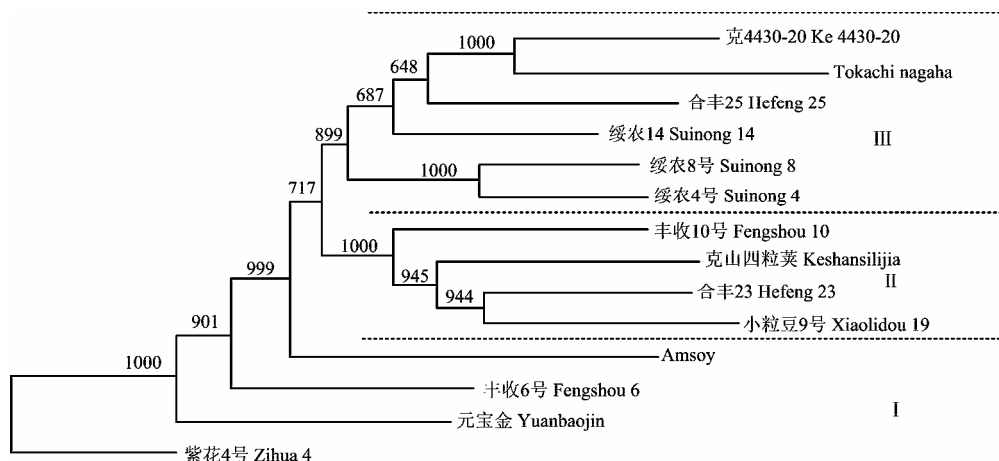


图 2 绥农 14 系谱品种基于 bootstrap (1000 次, 支持数值列于分支处) 分析的 Neighbour-joining 系统树

Fig. 2 Neighbour-joining tree with bootstrap support values (based on 1000 bootstraps) on forks

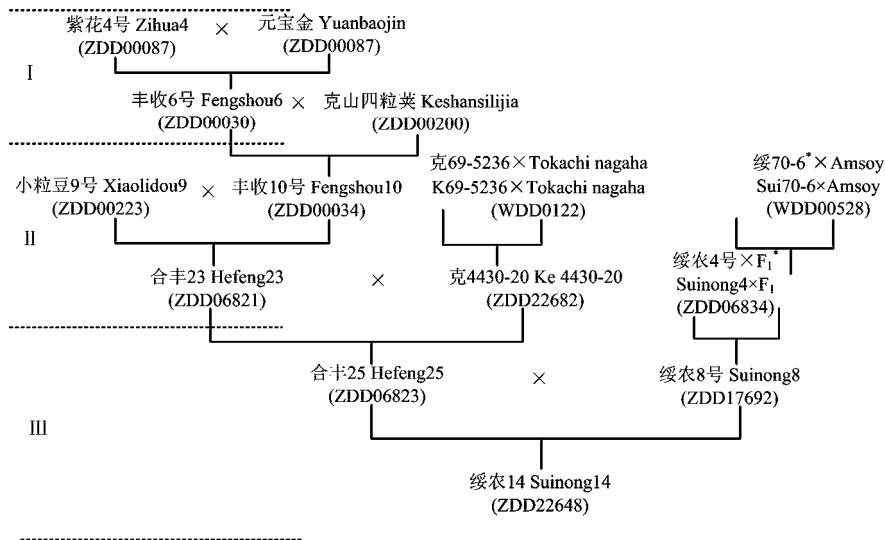


图 3 绥农 14 的系谱 (每个品种的全统一编号标注在括号里)

Fig. 3 The pedigree tree of Suinong14 (The conservation number of national genebank is shown under each cultivar name)

50 年代末的主要推广品种紫花 4 号、元宝金、丰收 6 号;第二阶段为 60 年代到 70 年代末的品种克 4430-20、丰收 10 号和合丰 23;第三阶段为 80 年代到 90 年代末育成的品种绥农 4 号、绥农 8 号、合丰 25 和绥农 14。可见第一阶段品种主要由育成品种×地方品种的亲本组合方式育成,第二阶段品种主要由育成品种×国外品种的亲本组合方式育成,第三个阶段品种主要由育成品种×育成品种及育成品种×育成品种的亲本组合方式育成。研究表明绥农 14 及其系谱亲本的遗传结构分化反映了时代特征及组合方式的变化。

从树状图中还可发现,由于 Tokachi nagaha 的引进,使得由它衍生的品种克 4430-20、合丰 25 与 Amsoy 衍生的品种绥农 4 号、绥农 8 号与其它国内祖先品种归为不同的类别。以上结果表明国外种质在拓宽绥农 14 和合丰 25 遗传基础的过程中发挥了重要作用,为

前期研究<sup>[21]</sup>提供了充分的证据。

### 2.2 3 种方法解析绥农 14 系谱中直接亲本对其后代的遗传贡献

在系谱分析中,直接亲本对其后代遗传贡献率的计算方法包括共祖先系数(CP)、相似系数法(SC)和遗传贡献率法(GC)。由于系谱中个别亲本的缺失如绥 70-6、克 69-5236 和 F<sub>1</sub>,仅对除克 4430-20 和绥农 8 号以外的 5 个品种的直接亲本贡献率进行了 3 种方法的解析(表 2)。

共祖先系数是指 2 个等位基因属于后裔相同的平均概率,因此父母本对子代的遗传贡献均为 0.5。GC 法和 SC 法所显示的规律相同,除绥农 14 父母本的遗传贡献基本相同外,丰收 6 号、丰收 10 号、合丰 23 和合丰 25 这 4 个品种的父亲遗传贡献率均高于母亲;这与育种过程中的人为选择相关。从绥农 14 系谱材料

表 2 亲本 P1 (母本) 和 P2 (父本) 对其子代品种的遗传贡献率

Table 2 Percentage of genetic contribution in Suinong pedigree

品种名称 Cultivar	CP 法 Coefficient of parentage		GC 法 Genetic contribution		SC 法 Similarity coefficient	
	$\lambda_{P1 \Rightarrow X}$	$\lambda_{P2 \Rightarrow X}$	$\lambda_{P1 \Rightarrow X}$	$\lambda_{P2 \Rightarrow X}$	S1	S2
丰收 6 号 Fengshou6	0.50	0.50	0.236	0.509	0.532	0.646
丰收 10 号 Fengshou10	0.50	0.50	0.386	0.426	0.600	0.620
合丰 23 Hefeng23	0.50	0.50	0.450	0.468	0.683	0.692
合丰 25 Hefeng25	0.50	0.50	0.349	0.502	0.563	0.651
绥农 14 Suinong14	0.50	0.50	0.451	0.447	0.681	0.679

的分子聚类图也可以看出,这4个品种与遗传贡献率高的亲本聚在一起(图2)。

### 2.3 绥农14系谱中直接父母本对子代遗传物质的传递分析

根据系谱关系,追踪子代的遗传物质来源。克4430-20和绥农8号由于部分亲本的缺失而无法追溯到亲本的来源,因此对其它5个品种进行遗传位点的追踪。对于子代与父母本拥有相等等位变异的位点,将无法估计到该位点的亲本来源,在本研究中合丰23与其父母本具有相等等位变异的位点最多为208个,占全部位点数的44.26%;合丰25与其父母本具有相

等等位变异的位点最少为144,占全部位点数的30.90%。有些位点子代拥有与父母本均不相同的等位变异,该位点也无法确定亲本来源,在本研究中,品种育成年代越早这种现象越明显,丰收6号拥有104个与父母本均不相同的等位变异,占全部位点数的21.85%,而绥农14只有37个与父母本均不相同的等位变异,仅占全部位点数的7.91%。子代与亲本之一具有相同的等位变异的位点即可追踪到亲本来源,在所追踪的5个子代品种中,除绥农14父母本影响相当外,其它4个品种均存在偏亲现象,来自父本的遗传物质多于母本(表3)。

表3 直接亲本对后代的遗传位点的传递

Table 3 Inheritance of the 477 microsatellite loci in five cultivars from their immediate parents. Alleles not found in either parents are designated as inconsistent

子代及其父母本 Accession with parents	父母本传递给后代的遗传位点数 Number of corresponding loci			
	母本(百分率%) Female(Percentage)	父本(百分率%) Male(Percentage)	相同(百分率%) Consistant (Percentage)	不相同(百分率%) Inconsistent(Percentage)
	丰收6号(紫花4号/元宝金) Fengshou6 (Zihua4/Yuanbaojin)	62(13.03)	117(24.58)	193(40.55)
丰收10号(丰收6号/克山四粒莢) Fengshou10 (Fengshou6/Keshansilijia)	90(19.11)	128(27.18)	177(37.58)	76(16.14%)
合丰23(小粒豆9号/丰收10号) Hefeng23 (Xiaolidou9/Fengshou10)	108(22.98)	125(26.60)	208(44.26)	29(6.17)
合丰25(合丰23/克4430-20) Hefeng25 (Hefeng23/K4430-20)	111(23.82)	152(32.62)	144(30.90)	59(12.67)
绥农14(合丰25/绥农8号) Suinong14 (Hefeng25/Suinong8)	119(25.43)	110(23.50)	202(43.16)	37(7.91)
总计 Sum	490(20.84)	632(26.88)	924(39.30)	305(12.97)

### 2.4 各代亲本对绥农14的遗传贡献分析

分析绥农14与系谱中各代亲本的相似性发现,随着世代的递增,各亲本与绥农14的遗传相似系数呈递增的趋势,由第一代亲本与绥农14的平均遗传相似系数0.451增加到第五代亲本与绥农14的平均遗传相似系数0.680(表4)。通过系谱中上下代及父母本的标记信息来计算遗传位点的传递,统计各代亲本经遗传重组后传递给绥农14的位点,由于系谱中部分亲本的缺失,Takach nagaha、Amsoy及绥农4号对绥农14的遗传位点取最大估计值。由表4可知从第三代以前,很少位点经遗传重组后传递给绥农14。第三代小粒豆9号及丰收10号分别只有7个位点经遗传重组后被绥农14保留下来,第二代亲本丰收6号和克4430-20分别有2个位点经遗传重组后被绥农14保留,经过5

代的遗传重组第一代亲本中仅紫花4号检测到了一个位点经遗传重组后被保留下来。这说明经过60年的品种选育,绥农14的遗传物质与祖先亲本相比已发生了很大的改变。

## 3 讨论

大豆是严格的自花授粉作物,育成品种通常有着清晰的系谱关系。用系谱来研究品种的遗传关系,是比较经济有效的方式,因而被育种家普遍采用<sup>[2,6-8]</sup>。但在实际应用中,由于育种过程中的偏亲选择(选择压)的存在,目标基因的漂移,未知亲缘亲本的存在等均会导致研究者过高或过低地估计品种间的遗传关系。SSR标记的优势在于可以直接检测品种间的遗传变异,而忽略其内在的遗传关系<sup>[14-16]</sup>。随着分子标记

表 4 各代亲本对绥农 14 遗传贡献的特异性

Table 4 The special genetic contribution of Suinong14 parants to Suinong14 revealed by SSR markers

亲代 Parental generation	亲本 Parents	平均遗传相似系数 Average of similarity coefficient	传递给绥农 14 的位点数目 Inheritance of the 477 microsatellite loci in Suinong14 from its parents
第一代亲本 The first parental generation	紫花 4 号 Zihua4 元宝金 Yuanbaojin	0.451	1 0
第二代亲本 The second parental generation	丰收 6 号 Fengshou6 克山四粒荚 Keshansilijia	0.523	2 2
第三代亲本 The third parental generation	小粒豆 9 号 Xiaolidou9 丰收 10 号 Fengshou10 Takach nagaha Amsoy	0.522	7 7 20 16
第四代亲本 The fourth parental generation	合丰 23 Hefeng23 克 4430-20 Ke 4430-20 绥农 4 号 Suinong4	0.607	27 31 94
第五代亲本 The fifth parental generation	合丰 25 Hefeng25 绥农 8 号 Suinong8	0.680	119 110

的不断开发, 遗传图谱的日趋饱和和为系谱研究提供了新的思路。有些学者将分子标记用于系谱间重要遗传位点的传递研究, Pestsova 等根据系谱对 59 个小麦品种 2D 染色体短臂上的 Ppd-D1 进行追溯<sup>[27]</sup>; Russell 等利用 SSR 对欧州大麦品种 Cooper 的系谱进行分析, 在染色体 3H 和 5H 上发现了 4 个关键位点<sup>[28]</sup>。Sjakste 利用 65 个 SSR 标记对 37 个大麦品种进行遗传分析, 研究表明品种的聚类结果与地理分布有关, 此外根据品种的系谱关系, 分析了遗传物质的传递<sup>[29]</sup>。本研究利用 550 对 SSR 分子标记分析大豆品种绥农 14 与系谱中亲本间的遗传关系, 并结合系谱关系分析了上下代亲本间及各代亲本对绥农 14 的遗传贡献, 结果表明在品种选育过程中父本传递给子代的遗传片段较多, 经过近 60 年的品种选育, 绥农 14 与祖先品种的遗传物质相比, 已发生了很大的变化。在研究直接父母本对子代的遗传贡献时, 发现子代中大约 12.97% 的位点存在与父母本均不相同的等位变异, 且这种现象较多发生在育成年代较早的品种中。Sjakste 在研究 7 个大麦品种与其父母本的遗传物质传递时也发现有 13.93 位点存在与父母本均不相同的等位变异<sup>[29]</sup>。

## 4 结论

4.1 利用均匀分布在大豆 20 个连锁群的 550 对 SSR 标记分析绥农 14 系谱品种, 根据 Neighbour-joining 构建的树状图与实际系谱图相符, 可将绥农 14 系谱品

种的选育过程分为 3 个阶段, 聚为不同类别的品种与育种时期和组合方式有关。

4.2 绥农 14 系谱中直接父母本对子代遗传物质的传递分析表明, 除绥农 14 接受父母本遗传物质相当外, 其它 4 个品种均存在偏亲现象, 来自父本的遗传物质多于母本。

4.3 各代亲本对绥农 14 的遗传贡献分析表明, 经过近 60 年的品种选育, 绥农 14 与祖先品种相比, 遗传物质已发生了较大的变化。

## References

- [1] Gizlice Z T E, Carter J, Burton J W. Genetic base for North American public soybean cultivars released between 1947-1988. *Crop Science*, 1994, 34: 1143-1151.
- [2] 崔章林, 盖钧镒, Thomas E, Carter J, 邱家训, 赵团结. 中国大豆育成品种及其系谱分析(1923-1995). 北京: 中国农业出版社, 1998: 23-39.  
Cui Z L, Gai J Y, Thomas E, Carter J, Qiu J X, Zhao T J. *The Released Chinese Soybean Cultivars and Their Pedigree Analyses (1923-1995)*. Beijing: China Agriculture Press, 1998: 23-39. (in Chinese)
- [3] 中国农业科学院作物品种资源研究所. 中国大豆品种资源目录(续编一、二). 北京: 中国农业出版社, 1990, 1996.  
Institute of Crop Germplasm Resource, Chinese Academy of Agricultural Sciences. *Catalog of Chinese Soybean Germplasm Resources (Continued 1, 2)*. Beijing: China Agricultural Press, 1990,

1996. (in Chinese)
- [4] Cui Z L, Carter T E, Burton J W, Wells R. Phenotypic diversity of modern Chinese and North American soybean cultivars. *Crop Science*, 2001, 41: 1954-1961.
- [5] 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. 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 of Jilin Province. *Agriculture & Technology*, 2004, 24(6): 101-107. (in Chinese)
- [6] Bernard R L, Gai A J, Edgear E H, Calton J E. Origins and pedigree of public soybean varieties in the United States and Canada USDA. *Technical Bulletin*, 1988: 1746.
- [7] Allen F L, Bhardwaj H L. Genetic relationship and selected pedigree diagrams of North American soybean cultivars. University of Tennessee. Agricultural Experiment Station. *Bulletin*, 1987: 52.
- [8] Carter T E Jr, Gizlice Z, Burton J W. Coefficient of parentage and genetic similarity estimates for 258 North America soybean cultivars by public agencies during 1945-1988. U. S. Department of Agriculture. *Technical Bulletin*, 1993: 1814.
- [9] 盖钧镒, 赵团结, 崔章林, 邱家训. 我国 1923-1995 年育成的 651 个大豆品种的遗传基础. 中国农业科学, 1998, 31(5): 35-43. Gai J Y, Zhao T J, Cui Z L, Qiu J X. Nuclear and cytoplasmic contributions of germplasm from distinct areas to soybean cultivars released during 1923-1995 in China. *Scientia Agricultura Sinica*, 1998, 31(5): 35-43. (in Chinese)
- [10] 盖钧镒, 邱家训, 赵团结. 大豆品种南农 49321 和南农 113822 与其衍生新品种的亲缘关系及其育种价值分析. 南京农业大学学报, 1997, 20(1): 1-8. Gai J Y, Qiu J X, Zhao T J. Analysis of genetic relationship of Nannong 493-1 and Nannong 1138-2 with their derivative cultivars and their potential in future breeding. *Journal of Nanjing Agricultural University*, 1997, 20(1): 1-8. (in Chinese)
- [11] 赵团结, 崔章林, 盖钧镒. 中国大豆育成品种中江苏种质 58-161 的遗传贡献. 大豆科学, 1998, 17(2): 120-128. Zhao T J, Cui Z L, Gai J Y. Nuclear and cytoplasmic contribution of 58-161 to the released soybean cultivars in China. *Soybean Science*, 1998, 17(2): 120-128. (in Chinese)
- [12] 邱家训, 赵团结, 盖钧镒. 中国大豆育成品种中苏沪地区种质的遗传贡献. 南京农业大学学报, 1997, 20(4): 1-8. Qiu J X, Zhao T J, Gai J Y. The genetic contribution of the germplasm from Jiangsu and Shanghai to soybean cultivar released during 1923-1995 in China. *Journal of Nanjing Agricultural University*, 1997, 20(4): 1-8. (in Chinese)
- [13] Dreisigacker S, Zhang P, Warburton M L, Ginkel M V, Hoisington D, Bohn M, Melchinger A E. SSR and pedigree analysis of genetic diversity among CIMMYT wheat lines targeted to different megaenvironments. *Crop Science*, 2004, 44: 381-388.
- [14] Almanza-Pinzón M I, Khairallah M, Fox M P N, Warburton L. Comparison of molecular markers and coefficients of parentage for the analysis of genetic diversity among spring bread wheat accessions. *Euphytica*, 2003, 130: 77-86.
- [15] Fernández M E, Figueiras A M, Benito C. The use of ISSR and RAPD markers for detecting DNA polymorphism, genotype identification and genetic diversity among barley cultivars with known origin. *Theoretical and Applied Genetics*, 2002, 104: 845-851.
- [16] Smith J S C, Chin E C L, Shu H, Smith O S, Wall S J, Senior M L, Mitchell S E, Kresovich S, Ziegler J. An evaluation of the utility of SSR loci as molecular markers in maize (*Zea mays* L.) comparisons with data from RFLPs and pedigree. *Theoretical and Applied Genetics*, 1997, 95: 163-173.
- [17] 翟虎渠, 王健康. 应用数量遗传学. 北京: 中国农业科学技术出版社, 2007: 42-43. Zhai H Q, Wang J K. *Application of Quantitative Inheritance*. Beijing: Agricultural Sci & Tech Press, 2007: 42-43. (in Chinese)
- [18] 张学书. 绥农 14 号大豆的选育及栽培技术研究. 农业系统科学与综合研究, 1997, 13(4): 319-320. Zhang X S. Study on select breeding and culture technology of soybean cultivars Suinong 14. *System Sciences and Comprehensive Studies in Agriculture*, 1997, 13(4): 319-320. (in Chinese)
- [19] 陈维元, 吕德昌, 姜成喜, 付亚书, 景玉良, 付春旭. 绥农号大豆血缘关系分析. 黑龙江农业科学, 2004, (4): 9-12. Chen W Y, Lü D C, Jiang C X, Fu Y S, Jing Y L, Fu C X. Pedigree analysis of soybean cultivars named by Suinong. *Heilongjiang Agricultural Sciences*, 2004, (4): 9-12. (in Chinese)
- [20] 付亚书. 大豆品种绥农 14 的选育及体会分析. 黑龙江农业科学, 2002, (3): 47-48. Fu Y S. Analysis on select breeding of soybean cultivars Suinong 14. *Heilongjiang Agricultural Sciences*, 2002, (3): 47-48. (in Chinese)
- [21] Qin J, Chen W Y, Guan R X, Jiang C X, Li Y H, Fu Y S, Liu Z X, Zhang M C, Chang R Z, Qiu L J. Genetic contribution of foreign germplasm to elite Chinese soybean (*Glycine max*) cultivars revealed by SSR markers. *Chinese Science Bulletin*, 2006, 9: 1078-1084.
- [22] Song Q J, Marek L F, Shoemaker R C, Lark K G, Concibido V C, Delannay X, Specht J E, Cregan P B. A new integrated genetic linkage map of the soybean. *Theoretical and Applied Genetics*, 2004, 109 (1): 122-128.



- [23] 关荣霞, 常汝镇, 邱丽娟. 用于分析的大豆的快速提取. 大豆科学, 2003, 21(1): 73-74.  
Guan R X, Chang R Z, Qiu L J. Rapid isolation of soybean DNA for SSR analysis. *Soybean Science*, 2003, 21(1): 73-74. (in Chinese)
- [24] Nei M, Li W H. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA*, 1979, 76: 5269-5273.
- [25] Rohlf F J. *NTSYS-pc Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System*. New York: State University of New York, 1992.
- [26] Van P Y, De W R. TREECON for windows: a software package for the construction and drawing of evolutionary trees for the Microsoft windows environment. *Computer Application in the Biosciences*, 1994, 10(5): 569-570.
- [27] Pestsova E, Roder M. Microsatellite analysis of wheat chromosome 2D allows the reconstruction of chromosomal inheritance in pedigrees of breeding programmes. *Theoretical and Applied Genetics*, 2002, 106: 84-91.
- [28] Russell J R, Ellis R P, Thomas W T B, Waugh R, Provan J, Booth A, Fuller J, Lawrence P, Yoang G, Powell W. A retrospective analysis of spring barley germplasm development from 'foundation genotypes' to currently successful cultivars. *Molecular Breeding*, 2000, 6: 553-568.
- [29] Sjakste T G, Rashal I, Röder M S. Inheritance of microsatellite alleles in pedigrees of latvian barley varieties and related European ancestors *Theoretical and Applied Genetics*, 2003, 106: 539-549.

(责任编辑 于 竞)