

基于 QTL 相关 SSR 标记分析黄淮海和南方大豆品种的遗传多样性及群体遗传结构

刘嘉霖, 谢慧敏, 张峥, 杨柏云, 罗火林, 龚贵如, 熊冬金^{*}
(南昌大学生命科学学院, 江西 南昌, 330031)

摘要: 研究大豆育成品种遗传多样性及群体结构对大豆遗传改良具有重要的指导意义。本文利用 99 个与大豆 QTL 性状相关的 SSR 标记, 对黄淮海和南方产区的 105 份大豆育成品种进行遗传多样性和群体结构分析。结果表明: 99 个位点共检测出 1142 个等位标记, 每个位点变异范围为 5~24 个, 平均每个位点 11.54 个等位变异。按品种育成时期将群体划分为 4 个亚群, 亚群内 *Nei's* 基因多样性范围 0.628~0.839, 平均 0.774。多态性信息含量范围 0.562~0.820, 平均 0.742。亚群间 *Nei's* 遗传距离范围 0.387~0.197, 平均 0.297。分子方差分析表明大豆材料 99% 为亚群内变异, 仅 1% 为亚群间变异, 说明不同时期内大豆材料之间交流频繁。主坐标分析的三个主成分分别解释了 4.12%、3.61% 和 2.90% 的总变异。UPGMA 聚类 and 群体遗传结构分析都将大豆材料划分为 3 个类群, 且结果高度一致, 而且与大豆育成品种在主要家族系谱中代数及各时期亚群的遗传基础相关。大豆育成品种遗传多样性水平具有一定的时期特征, 其总体水平呈递增趋势。

关键词: 大豆; 黄淮海; 南方; 育成品种; SSR 标记; 遗传多样性

中图分类号: S565.1

文献标识码: A

文章编号: 1007-9084(2022)01-0063-09



OSID

Population structure and genetic analysis within soybean cultivars of Huang-Huai-Hai and Southern region of China based on SSR markers related to QTL

LIU Jia-lin, XIE Hui-min, ZHANG Zheng, YANG Bo-yun, LUO Huo-lin, GONG Gui-ru, XIONG Dong-jin^{*}
(College of Life Science, Nanchang University, Nanchang 330031, China)

Abstract: Research of the population structure and genetic diversity has guiding significance to soybean improvement. In this study, 105 cultivar soybean accessions bred from Huang-Huai-Hai and Southern region of China were collected to detect their population structure and genetic diversity by using 99 SSR polymorphic primer pairs. The results showed that a total of 1142 alleles were detected at 99 loci with 11.54 average number of alleles per locus ranging from 5 to 24. The whole population was divided into 4 subgroups according to breeding period. The range of *Nei's* gene diversity was 0.628–0.839 with an average of 0.774. The polymorphism information content ranged from 0.562–0.820 with an average of 0.742. The genetic distance between subgroups ranged from 0.387 to 0.197 with an average of 0.297. Ninety-nine percentage of total variation was explained within the subgroups, and 1% of total variation was explained among subgroups based on the molecular variation analysis, which indicated that there were frequent gene exchanges in subgroups. The principal coordinate analysis showed that the first, second, and third principal factors explained 4.12%, 3.61%, and 2.90% of the total variation respectively. These soybean germplasm could be divided into 3 subgroups based on STRUCTURE analysis and unweighted pair group method with arithmetic average (UPGMA) cluster. Further comparison showed that the UPGMA subgroups and STRUCTURE subgroups displayed a highly consistent correlation with these pedigrees and the genetic base of each period. The genetic diversity had period characteristics and showed an increasing trend in this study.

Key words: soybean; Huang-Huai-Hai; South China; cultivar; SSR marker; gene diversity

收稿日期: 2020-10-16

基金项目: 国家自然科学基金 (31960407, 31260332)

作者简介: 刘嘉霖 (1994–), 女, 硕士研究生, 主要从事大豆种质资源研究, E-mail: 2275053036@qq.com

^{*} 通讯作者: 熊冬金 (1962–), 男, 博士, 副教授, 主要从事大豆种质资源研究, E-mail: jxxdj@163.com

大豆(*Glycine max* (L.) Merr.)含有约40%的蛋白质和20%的脂肪,是重要的粮食作物。我国是大豆的原产地,拥有十分丰富的大豆种质资源^[1-3]。黄淮海和南方是我国重要的大豆产区,与国内其他的大豆生态区域种质交流频繁,选育出了大量优异的大豆品种^[4]。这些育成品种是大豆选育的重要资源,对大豆遗传研究具有十分重要的意义。Zhou等^[5]和Guo等^[6]利用SSR标记分析大豆种质资源,认为黄淮海夏大豆的遗传多样性最高。盖钧镒等分三个育种时期(1923-1995、1995-2005、2005-现在)对我国大豆育成品种进行了品种收集及系谱分析等工作^[7-9],其中2005年之前的1200多个优良品种被广泛应用于我国大豆生产^[10]。研究大豆遗传多样性和遗传基础,对大豆育种的亲本选配和遗传改良具有重要指导意义。近年来,分子标记和数量性状(QTL)定位发展迅速,在大豆方面,QTL定位了大豆耐盐、大豆叶绿素、大豆籽粒大小、脂肪含量^[11]、蛋白质^[12]、产量^[13]等性状。Karikari等^[14]报道了亚非欧三个区域大豆资源的遗传多样性,共有21个SSR标记与开花天数和百粒重相关。Patil等^[15]对野生、栽培大豆利用连锁定位技术鉴定出18个与蛋白质、油脂和蔗糖含量相关QTL,部分QTL与大豆驯化相关基因组位点重合。随着基因组重测序和全基因组关联分析的发展^[16,17],QTL定位数量激增。利用功能分子标记及与产量性状相关的功能分子标记来研究大豆主要家族的育成品种遗传基础报道较少。本试验选用与QTL相关SSR标记对来源于中国黄淮海江苏的滨海大白花(A034)和铜山天鹅蛋(A231),山东的即墨油豆(A133)三个祖先亲本家族共105份大豆育成品种进行遗传多样性与群体遗传结构研究,研究不同时期群体的遗传多样性水平。探索优异等位变异在大豆品种选育中的利用途径及功能基因相关位点标记的遗传结构,充分了解现有重要祖先亲本家族育成品种的遗传基础,挖掘利用大豆遗传多样性信息,指导育种亲本创制和选择,及品种间的合理布局,提高育种的预见性,丰富种质遗传多样性。

传多样性。

1 材料与方法

1.1 材料

根据熊冬金等^[18]对我国1923-2005年育成的1300个大豆的研究信息,选择12个省份105份中国黄淮海产区的大豆育成品种作为试验材料(表1)。其中滨海大白花(A034)和铜山天鹅蛋(A231)是江苏的祖先亲本,即墨油豆(A133)山东祖先亲本,105份大豆育成品种名称及相关信息详见首页OSID附表。

1.2 方法

1.2.1 DNA的提取 选取4~5叶期的大豆叶片,采用改良的CTAB法^[19]提取DNA。用1.2%琼脂糖凝胶电泳检测其完整性,使用核酸定量仪Qubit 2.0测定浓度与纯度,根据检测结果将DNA稀释至20 ng·μL⁻¹, -20℃保存备用。

1.2.2 QTL相关SSR标记引物筛选 根据http://soybase.org^[20]资料查阅已经被定位的与产量性状QTL紧密连锁的SSR标记作为功能基因标记位点。选择分布于20条染色体的99个多态性高、带型清晰、重复性好的SSR标记。以上引物序列在http://soybase.org查询并由生工生物工程(上海)股份有限公司合成。PCR反应总体系15 μL,含DNA 60 ng,上下游引物0.1 μmol·L⁻¹, Taq酶1.5 U, dNTPs 0.2 μmol·L⁻¹, MgCl₂ 0.12 μmol·L⁻¹, ddH₂O补齐反应体系。PCR程序为:94℃ 3 min; 94℃ 30 s, 50~59℃ 1 min, 72℃ 1 min, 共30个循环; 72℃ 10 min。扩增后的PCR产物用8%非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳检测,再用银染显影后观察结果并拍照。

1.3 数据分析

1.3.1 群体遗传多样性分析 通过SSR标记的主带分子量大小,对105份供试材料进行基因分型并输入Excel。利用Powermarker V3.25^[21]软件计算多态性信息含量(PIC)和基因多样性(gene diversity)系数。用Gen Al Ex6. 5^[22]软件进行标记位点的遗传

表1 105份大豆实验材料
Table 1 105 cultivars used in this study

育成年代 Era	材料数量 Number	品种编号 Material code
1963-1980	14	1、27、28、29、30、57、5859、60、61、69、70、71、72
1981-1990	24	2、3、4、11、12、13、14)(15、31、32、33、34、62、67、73、74、75、76、77、78、79、80、89、100
1991-2000	37	5、6、7、8、16、17、18、19、20、21、35、36、37、38、39、40、41、42、43、44、45、46、63、64、68、81、82、83、90、91、92、93、98、101、102、103、104
2001-2004	30	9、10、22、23、24、25、26、47、48、49、50、51、52、53、54、55、56、65、66、84、85、86、87、88、94、95、96、97、99、105

多态性分析,计算等位变异位点数(N_a)、有效等位变异位点数(N_e)、Shannon's 信息指数(I),并计算群体的分子方差(AMOVA)估测遗传变异在亚群间和亚群内的分布。

1.3.2 群体遗传结构分析 进一步通过 Power-Marker 软件分析各品种之间的遗传相似性,用非加权配对法(UPGMA)进行聚类分型,经 i-TOL^[23]软件转化为聚类无根树状图;用 Gen Al Ex6.5 进行主坐标分析(PCoA)。利用 Structure 2.3.4^[24]软件估算群体的遗传结构,并计算材料相应 Q 值(第 I 材料属于第 k 亚群的概率)。根据 structure Harvester (http://taylor0.biology.ucla.edu/structure_Harvester/#)确定合适的 K 值。

2 结果与分析

2.1 引物扩增多态性结果分析

从 20 条染色体上选取了 99 对扩增效果较好,数据缺失少的 SSR 引物进行分析(图 1),最少的 11 号染色体上仅含 1 个标记位点,最多的 4 号、6 号和 7 号染色体上含有 8 个标记位点,平均每个染色体上含有 4.95 个标记位点。所有位点都检测到等位变异数,每个位点的等位变异数 5~24 个,平均每个位点 11.54 个等位变异。每条染色体的等位变异数 9~94 个,平均每条染色体上 57.10 个等位变异(表 2)。

计算分析每个位点等位基因频率,9 号染色体上 Satt326 等位基因频率最高为 0.486,3 号染色体上 Satt009 最低为 0.095,平均等位基因频率 0.238。所有的 105 个材料上所有等位位点都是纯合基因

型,没有杂合基因型,说明所选大豆材料都是高度纯合的育成品种。

2.2 时期亚群间遗传多样性分析

将 105 份大豆材料按育成时期划分为 4 个亚群,以下简称时期亚群。由表 3 可以看出 4 个时期亚群和整个群体的遗传多样性,1991~2000 亚群的观测等位基因数(9.121)、*Nei's* 基因多样性(0.839)、多态性信息含量(0.820)最高,而 2001~2004 亚群的有效等位基因数(0.6088)最高。1963~1980 亚群的观测等位基因数(6.152)、有效等位基因数(4.668)、*Nei's* 基因多样性(0.628)、多态性信息含量(0.562)都最低。以上结果说明 1991~2000 亚群的遗传多样性最高,而 2001~2004 亚群的材料分布更均匀。1963~1980 亚群的遗传多样性最低可能是由样本数偏少造成的。

2.3 时期亚群相似性系数聚类分析与分子方差分析

表 4 相似性系数结果表明亚群间相似性系数(GI) ≥ 0.679 ,亚群间遗传距离(GD) ≤ 0.387 。说明分时期亚群间的遗传差异较大。表 5 和图 2 可以看出 1991~2000 和 2001~2004 两个亚群的相似性系数高($GI=0.821$),分化小,亲缘关系相近。而 1963~1980 和 1991~2000 两亚群的遗传距离较大,亲缘关系也较远($GD=0.387$)。分时期亚群的相似性系数聚类分析和遗传多样性分析结果相似。但综合考虑亚群内样本数目和材料分布等因素的影响,尚不能说明大豆育成品种的基因遗传多样性和育种时间的关系。

分子方差分析(AMOVA)分析结果表明,大豆时

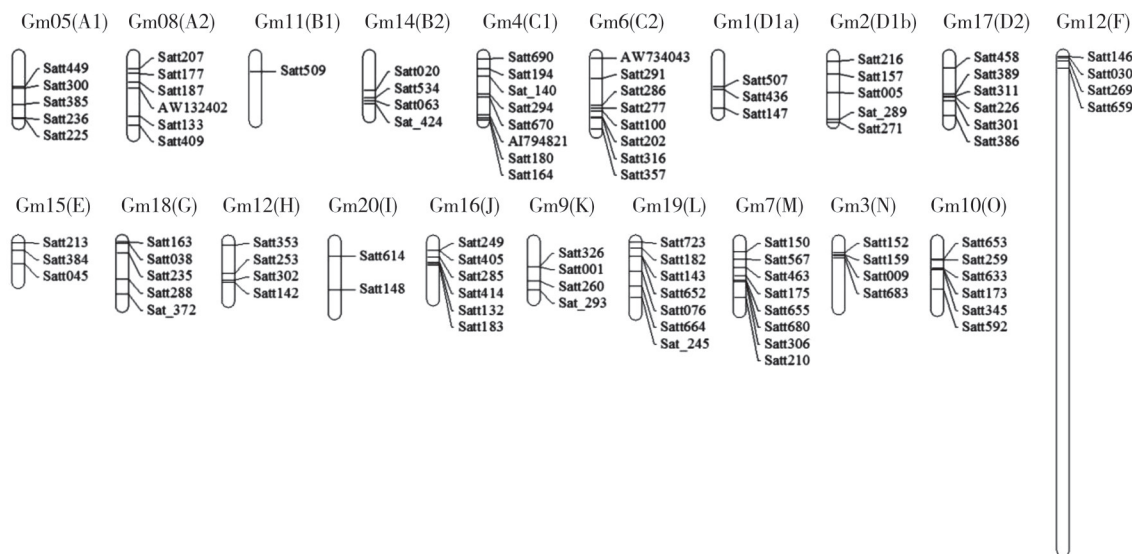


图 1 QTL 相关的 SSR 标记位点在染色体上的分布
Fig. 1 Distribution of SSR marker sites on chromosomes

表2 引物扩增多态性结果
Table 2 Polymorphism result of primers

染色体	位点	图位	等位变异数	等位基因频率	染色体	位点	图位	等位变异数	等位基因频率
Chrom	Locus	Position /cM	Na	Allele frequency	Chrom	Locus	Position /cM	Na	Allele frequency
Gm05(A1)	Satt449	27.78	13	0.162	Gm13(F)	Satt146	1.92	14	0.2
	Satt300	30.93	13	0.229		Satt030	3.95	9	0.448
	Satt385	64.74	18	0.124		Satt269	11.37	13	0.257
	Satt236	93.23	12	0.171		Satt659	26.71	7	0.476
	Satt225	95.16	6	0.371	Gm18(G)	Satt163	0	13	0.314
Gm08(A2)	Satt207	26.5	11	0.2		Satt038	1.84	10	0.257
	Satt177	36.77	9	0.248		Satt235	21.89	11	0.257
	Satt187	54.92	9	0.248		Satt288	76.77	13	0.171
	<u>AW132402</u>	67.86	11	0.171		Sat_372	107.75	17	0.181
	Satt133	125.38	9	0.333	Gm12(H)	Satt353	8.48	13	0.276
Gm11(B1)	Satt409	145.57	15	0.171		Satt253	67.17	9	0.181
	Satt509	32.51	9	0.41		Satt302	81.04	11	0.276
Gm14(B2)	Satt020	72.13	10	0.19		Satt142	86.49	10	0.238
	Satt534	87.59	13	0.181	Gm20(I)	Satt614	31.94	17	0.21
	Satt063	93.49	15	0.162		Satt148	100.78	11	0.152
Gm4(C1)	Sat_424	100.1	12	0.229	Gm16(J)	Satt249	11.74	10	0.21
	Satt690	5.36	11	0.257		Satt405	12.41	12	0.21
	Satt194	26.35	15	0.143		Satt285	25.51	7	0.257
	Sat_140	41.43	17	0.143		Satt414	37.04	14	0.152
	Satt294	78.65	12	0.162		Satt132	39.18	7	0.248
Gm6(C2)	Satt670	85.37	9	0.248		Satt183	42.51	9	0.248
	<u>AI794821</u>	122.63	8	0.257	Gm9(K)	Satt326	49.53	6	0.486
	Satt180	127.77	15	0.19		Satt001	50.56	16	0.124
	Satt164	132.46	7	0.39		Satt260	80.12	8	0.324
	<u>AW734043</u>	4.22	10	0.229		Sat_293	99.1	11	0.219
Gm1(D1a)	Satt291	45.76	8	0.371	Gm19(L)	Satt723	1.07	6	0.333
	Satt286	101.75	12	0.181		Satt182	14.03	15	0.143
	Satt277	107.59	10	0.4		Satt143	30.19	10	0.219
	Satt100	113.96	12	0.39		Satt652	30.88	11	0.229
	Satt202	126.24	12	0.267		Satt076	61.35	8	0.21
Gm2(D1b)	Satt316	127.67	16	0.133		Satt664	92.66	9	0.162
	Satt357	151.91	9	0.352		Sat_245	115.07	14	0.181
	Satt507	64.52	10	0.295	Gm7(M)	Satt150	18.58	13	0.133
	Satt436	70.69	14	0.181		Satt567	33.47	12	0.229
	Satt147	108.89	10	0.21		Satt463	50.1	14	0.2
Gm17(D2)	Satt216	9.8	12	0.21		Satt175	66.99	13	0.181
	Satt157	37.07	14	0.238		Satt655	76.41	10	0.229
	Satt005	75.29	10	0.276		Satt680	77.19	11	0.286
	Sat_289	131.92	15	0.181		Satt306	80.02	8	0.229
	Satt271	137.06	12	0.181		Satt210	112.08	11	0.238
Gm15(E)	Satt458	24.52	16	0.114	Gm3(N)	Satt152	22.67	11	0.229
	Satt389	79.23	12	0.2		Satt159	27.13	11	0.219
	Satt311	84.62	13	0.248		Satt009	28.52	24	0.095
	Satt226	85.15	12	0.171		Satt683	34.52	12	0.267
	Satt301	93.71	14	0.21	Gm10(O)	Satt653	38.09	5	0.429
	Satt386	125	11	0.343		Satt259	39.82	15	0.133
	Satt213	3.72	12	0.229		Satt345	59.43	13	0.248
	Satt384	19.3	11	0.276		Satt173	58.4	13	0.41
	Satt045	46.65	10	0.219		Satt633	56.93	10	0.286
						Satt592	100.38	9	0.171

表3 时期亚群间遗传多样性
Table 3 Genetic diversity of period populations

群体名称 Population	样本数 No.	观测等位基因数 <i>Na</i>	有效等位基因数 <i>Ne</i>	<i>Nei's</i> 基因多样性 <i>H</i>	多态性信息含量 <i>PIC</i>
1963-1980	14	6.152	4.668	0.628	0.562
1981-1990	24	7.949	5.564	0.813	0.790
1991-2000	37	9.121	6.088	0.839	0.820
2001-2004	30	8.919	6.434	0.816	0.795
整体 Total	105	10.657	7.172	0.851	0.836

表4 时期亚群间 *Nei's* 遗传距离与相似性系数
Table 4 *Nei's* genetic distance and genetic identity
between period populations

群体名称 Population	1963-1980	1981-1990	1991-2000	2001-2004
1963-1980		0.709	0.679	0.701
1981-1990	0.343		0.790	0.769
1991-2000	0.387	0.236		0.821
2001-2004	0.356	0.262	0.197	

注:*Nei's* 遗传距离(下三角),相似性系数(上三角)
Note: *Nei's* genetic distance (below diagonal) and genetic identity (above diagonal)

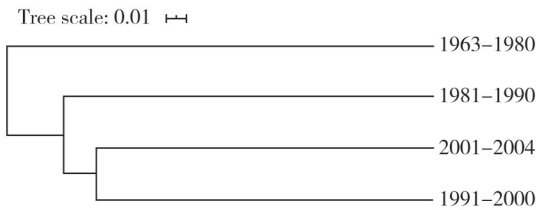


图2 基于 *Nei's* 遗传距离大豆时期亚群聚类图
Fig. 2 Period populations dendrogram of soybeans based
on *Nei's* genetic distance

期亚群内分子变异占 99%,群体间变异占 1%,而群体分化系数 $F_{st}=0.013$, $P=0.010$,组间差异显著。说明亚群间的遗传差异主要是由于亚群内的大豆材料遗传差异较大造成的。分析大豆材料遗传差异较大可能与大豆育成品种主要来自 3 个不同主要家族,且每个祖先亲本对该品种的遗传贡献值差异造成的。

2.4 大豆材料聚类分析

UPGMA 聚类分析显示(图 3),在相似系数 $DI=0.42$ 处将 105 份大豆材料分为 3 个类群,第 I 类群包含 49 份材料,主要来自 1991-2000 和 2001-2004 两时期。第 II 类群含有 25 份材料,其中 17 份大豆材料来自 1963-1980、1981-1991 这 2 个相对较早的时期。第 III 类群共 31 份材料,大豆各时期材料分布相对均匀。

从各时期亚群分布来看,4 个时期亚群分散聚

集到 3 个类群中,且各亚群有其聚类的偏好性。1991-2000、2001-2004 这两个相对较晚的时期主要分布于第 I 类群,这两个时期的大豆资源具有一定的遗传相似性。1963-1980 时期的大豆材料有 50% 聚集在第 II 类群,且第 II 类群 68% 的大豆材料来自 1963-1980、1981-1990 这 2 个时期,说明相对较早时期的大豆材料偏向聚集在第 II 类群。1981-1990 时期的大豆均匀分布于第 II、III 类群,说明 1981-1990 时期的大豆材料遗传资源集中度相对较低。

2.5 群体遗传结构分析

大豆材料的遗传结构分析表明 K 取值范围为 2~9,当 $K=3$ 时, ΔK 最大且较稳定(图 4),大豆群体分为 3 个类群(图 5)。分别对 3 个类群内大豆材料统计(表 6),第 I 类群包含 44 份材料,第 II 类群含有 25 份材料,第 III 类群共 36 份材料。群体遗传结构分布表明,遗传结构分布与 UPGMA 聚类结果具有高度一致性。有 100 份大豆材料的结构分布与聚类结果一致。UPGMA 聚类第 I 类群中 4 份四川省大豆材料(贡豆 5 号、贡豆 8 号、贡豆 10、贡豆 11)和江西

表5 大豆材料在 3 个类群中的分布
Table 5 Distribution of populations in 3 groups

类群 Group	群体 Population				Total
	1963-1980	1981-1990	1991-2000	2001-2004	
I	3	4	20	22	49
II	7	10	6	2	25
III	4	10	11	6	36
整体 Total	14	24	37	30	105

表6 大豆材料遗传结构分布
Table 6 Distribution of population structure

类群 Group	群体 Population				Total
	1963-1980	1981-1990	1991-2000	2001-2004	
I	3	4	17	20	44
II	7	10	6	2	25
III	4	10	14	8	36
整体 Total	14	24	37	30	105

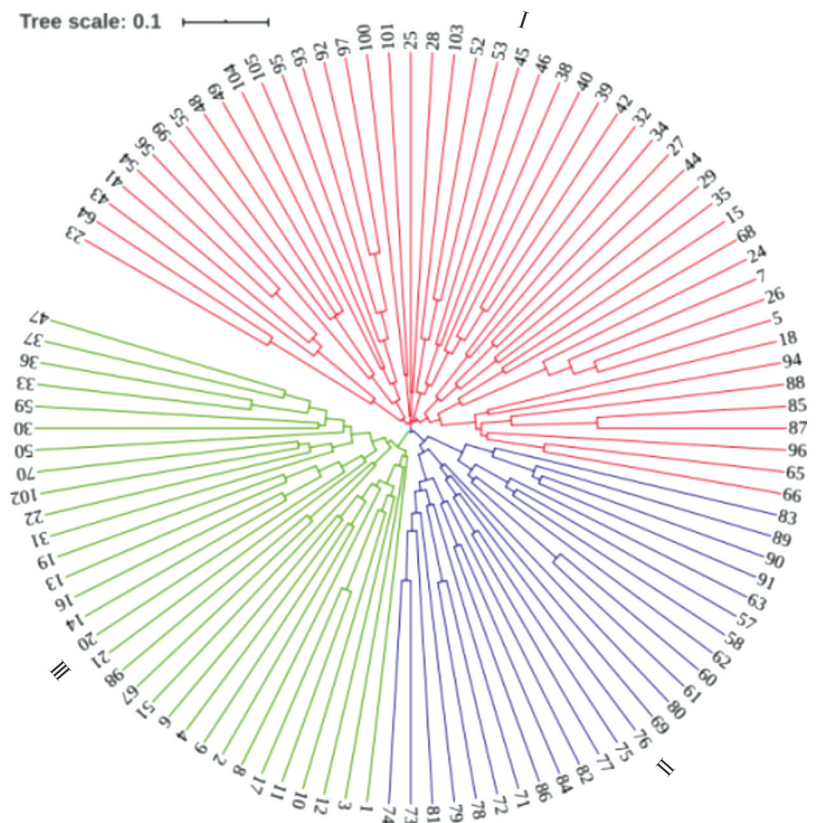
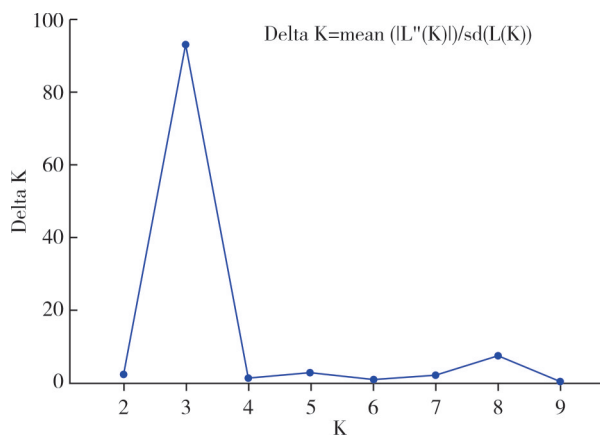


图3 105份大豆材料的UPGMA聚类图

Fig. 3 UPGMA dendrogram of 105 accessions

图4 似然对数的变化折线图(ΔK)Fig. 4 Line chart of ΔK with change of K value

省大豆材料赣豆4号在群体遗传结构分析中分布在第Ⅲ类群。

2.6 群体主坐标分析

分时期亚群的主坐标分析(图6)表明,第一、二、三主成分分别解释了4.12%、3.61%和2.90%的总变异。相对较后时期(1991–2000和2001–2004)的材料基本聚集在同一区域,只有少数品种在其他区域,而1963–1980分布于不同区域。说明大豆材料具有一定的时期特征,早期的大豆材料与

相对较后两时期的大豆材料有一定的遗传差异,而这两时期的遗传差异小,亲缘关系较近。

3 讨论

3.1 QTL相关的SSR位点多态性分析

大豆种质资源研究中不少功能分子标记在遗传变异或多样性分析中都有广泛应用。实验室早期选择ScoT^[25]、EST-SSR^[26]等标记研究黄淮海和南方地区大豆的遗传多样性,平均位点的等位变异数为8.81和4.81。SSR标记与这些功能分子标记相比,等位变异数为11.54,多态性更高,检测更灵敏。此外,熊冬金等^[18]也曾利用161个SSR分子标记对209份大豆育成品种遗传多样性分析,多态性信息含量平均0.819,低于本研究中的0.836。这一结果与通常认为的样本越大、标记数量越多则遗传多样性越高这一结论不符。通过比较发现,本研究中SSR位点均是与QTL相关且基因型丰富的位点,平均等位变异数11.54。而熊冬金等研究中SSR位点数目多,包含与QTL相关的SSR位点141个和QTL无关的SSR位点20个。QTL无关的SSR位点大多基因型多态性简单,与QTL相关位点放一起,平均的等位变异数11.07,影响整体的遗传多样性水平,因此

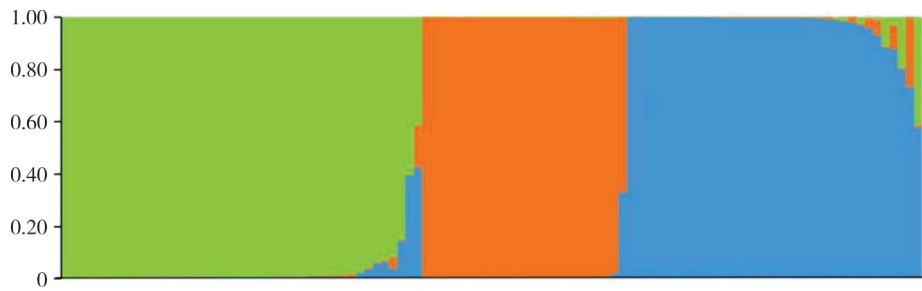


图5 105份大豆材料群体遗传结构

Fig. 5 Population structure of 105 accessions

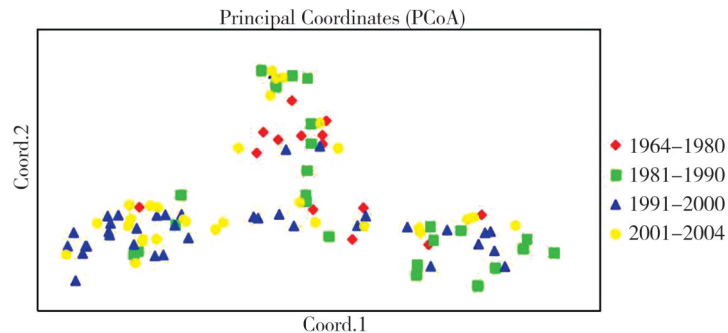


图6 主坐标分析

Fig. 6 Principal coordinates analysis of subgroups

低于本实验的群体遗传多样性。

通过 Soybase 网站查询各位点信息,每个位点皆与几个不同 QTL 相关联。例如基因型丰富的 *satt009* 位点与大豆产量、开花数、种子异黄酮、种子硬度等 10 余个 QTL 性状相关。在后期驯化培育中, QTL 连锁区位点的基因型有自身局限性和连锁阻力,理应遗传多样性小。但在育种过程中,育种者极大地保存了位点自身的遗传多样性,在探索基因型时引入新的多样性,增加品种的低频多样性也是长期受驯化和近交的结果^[27]。

3.2 育成品种大豆资源的遗传多样性分析

本研究选择 99 个 QTL 相关的 SSR 标记位点,对 105 份大豆育成品种进行分时期亚群的遗传多样性分析, *Nei's* 基因多样性范围为 0.628~0.839,平均 0.774。多态性信息含量 0.562~0.820,平均 0.742。时期亚群大豆育成品种遗传多样性高低顺序为 1991-2000>2001-2004>1981-1990>1963-1980。时期亚群相似性系数聚类分析表示,与遗传多样性最高的 1991-2000 时期的亚群间遗传距离大小顺序为 1963-1980(0.387)>1981-1990(0.236)>2001-2004(0.197)。说明 1963-1980 与 1991-2000 两时期的亲缘关系最远,而 2001-2004 与 1991-2000 两时期的亲缘关系最近。大豆分时期亚群的遗传多样性呈现先增后减的趋势与改革开放后我国从国

外引入大量的大豆材料有关,我国大豆育成品种遗传基础有所拓宽。而在现有的遗传基础上再增加大豆遗传多样性,需在今后的育种工作中进一步拓宽亲本来源。

分子方差分析表明大豆材料 99% 为亚群内变异,仅 1% 为亚群间变异。亚种群内的高变异象征着对经济上重要的性状更频繁地被选择,以致各主要家族的祖先亲本对该品种的遗传贡献值有所差异。育种亲本越复杂的品种,有多个主要家族的遗传贡献,多态性位点的等位变异数增加的几率越大,品种的遗传多样性越高。然而,育成品种所利用的种质资源还是相对较狭窄,一方面种质育种不能囊括优质亲本所有的优势表型,另一方面这与我国引进外来种质资源无法满足育种需求不无关系。其次大豆材料为高度纯合的育成品种也部分影响着遗传变异结果。

3.3 育成品种大豆的群体遗传结构分析

本研究对 3 个主要家族的 105 份大豆材料的聚类分析和遗传结构分析都认为它们明显分为 3 类群,且两方面的分析结果高度一致,也与 Dong 等^[28]利用 53 对 SSR 标记对 100 份菜豆品种的 UPGMA 亚群与结构亚群分析结果具有高度一致性。这些群体的聚类表现出极大的一致性,与大豆育成品种在主要家族系谱中代数及各时期亚群的遗传基础粗

略相关。例如类群2中大豆育成品种在A034、A133和A231家族系谱中代数在3代以前,类群1中大豆品种则在3个主要家族中代数靠后,主要为4代以后品种。类群2在亲缘关系上更贴近3个主要家族,而类群1与3个主要家族亲缘关系不如类群2,其他的遗传背景影响更大。

从各时期亚群的遗传基础来看,且各亚群有其聚类的偏好性,遗传基础相似的亚群有聚在同一类群中的趋势,例如1991–2000和2001–2004两个时期内的大豆材料遗传相似性高,所以主要集中在类群1中,1963–1980和上述两时期大豆材料的遗传相似性低,则偏向于集中在类群2中。关于大豆育成品种遗传组分受到分时期遗传基础影响这一结论有待明确,目前尚无文献报道,但普遍认为有生态区分遗传基础^[29, 30]。

聚类后出现的相同来源的种质分别聚类在不同类群中或不同来源的种质相聚在同一类群的现象,常见于群体遗传结构的研究中^[31, 32]。这与种质的遗传背景和种质间遗传差异相关。不同来源的种质可能遗传背景相似,相同来源的种质也可能遗传差异较大。说明大豆育种不能简单的异地杂交育种,考虑种质间的遗传相似性才能有效利用大豆种质资源。

4 结论

利用99个与大豆QTL性状相关的SSR位点,对黄淮海和南方产区的105份大豆育成品种进行遗传多样性和群体结构分析。按品种育成时期将群体划分为4个亚群,研究表明不同时期内大豆品种基因交流频繁,UPGMA聚类 and 群体遗传结构分析均将105份材料分为3个类群,且结果高度一致,大豆育成品种遗传多样性水平具有一定的时期特征,总体呈递增趋势。

参考文献:

- [1] 赵团结, 盖钧镒. 栽培大豆起源与演化研究进展[J]. 中国农业科学, 2004, 37(7): 954–962. DOI: 10.3321/j.issn: 0578–1752.2004.07.004.
- [2] Singh R J, Hymowitz T. Soybean genetic resources and crop improvement [J]. Genome, 1999, 42(4): 605–616. DOI: 10.1139/gen-42-4-605.
- [3] Hymowitz T, Newell C A. Taxonomy of the genus *Glycine*, domestication and uses of soybeans [J]. Econ Bot, 1981, 35(3): 272–288. DOI: 10.1007/BF02859119.
- [4] 刘章雄, 孙石, 李卫东, 等. 1983–2010年北京市大豆育成品种的亲缘关系分析[J]. 作物学报, 2013, 39(9): 1693–1700.
- [5] Zhou Z, Jiang Y, Wang Z, et al. Resequencing 302 wild and cultivated accessions identifies genes related to domestication and improvement in soybean [J]. Nat Biotechnol, 2015, 33(4): 408–414. DOI: 10.1038/nbt.3096.
- [6] Guo J, Wang Y, Song C, et al. A single origin and moderate bottleneck during domestication of soybean (*Glycine max*): implications from microsatellites and nucleotide sequences [J]. Ann Bot, 2010, 106(3): 505–514. DOI: 10.1093/aob/mcq125.
- [7] 盖钧镒, 熊冬金, 赵团结. 中国大豆育成品种系谱与种质基础: 1923–2005 [M]. 北京: 中国农业出版社, 2015.
- [8] 熊冬金, 赵团结, 盖钧镒. 中国大豆育成品种亲本分析 [J]. 中国农业科学, 2008(9): 2589–2598. DOI: 10.3864/j.issn.0578–1752.2008.09.004.
- [9] 崔章林. 中国大豆育成品种及其系谱分析: 1923–1995 [M]. 北京: 中国农业出版社, 1998.
- [10] 王彩洁, 李伟, 张礼凤, 等. 黄淮海地区近20年来育成大豆品种亲本分析 [J]. 大豆科学, 2018, 37(4): 503–510. DOI: 10.11861/j.issn.1000–9841.2018.04.0503.
- [11] Leite D C, Pinheiro J B, Campos J B, et al. QTL mapping of soybean oil content for marker-assisted selection in plant breeding program [J]. Genet Mol Res, 2016, 15(1): DOI: 10.4238/gmr.15017685.
- [12] Warrington C V, Abdel-Haleem H, Hyten D L, et al. QTL for seed protein and amino acids in the Benning × Danbaekong soybean population [J]. Theor Appl Genet, 2015, 128(5): 839–850. DOI: 10.1007/s00122-015-2474-4.
- [13] Fox C M, Cary T R, Nelson R L, et al. Confirmation of a seed yield QTL in soybean [J]. Crop Sci, 2015, 55(3): 992–998. DOI: 10.2135/cropsci2014.10.0688.
- [14] Karikari B, Bhat J A, Denwar N N, et al. Exploring the genetic base of the soybean germplasm from Africa, America and Asia as well as mining of beneficial allele for flowering and seed weight [J]. 3 Biotech, 2020, 10(5): 195. DOI: 10.1007/s13205-020-02186-5.
- [15] Patil G, Vuong T D, Kale S, et al. Dissecting genomic hotspots underlying seed protein, oil, and sucrose content in an interspecific mapping population of soybean using high-density linkage mapping [J]. Plant Biotechnol J, 2018, 16(11): 1939–1953. DOI: 10.1111/pbi.12929.
- [16] Bruce R W, Torkamaneh D, Grainger C, et al. Genome-wide genetic diversity is maintained through decades of soybean breeding in Canada [J]. Theor Appl Genet, 2019, 132(11): 3089–3100. DOI: 10.1007/s00122-019-03408-y.

- [17] Jeong S C, Moon J K, Park S K, et al. Genetic diversity patterns and domestication origin of soybean [J]. *Theor Appl Genet*, 2019, 132(4): 1179–1193. DOI: 10.1007/s00122-018-3271-7.
- [18] 熊冬金, 王吴彬, 赵团结, 等. 中国大豆育成品种 10 个重要家族的遗传相似性和特异性[J]. *作物学报*, 2014, 40 (6) : 951–964. DOI: 10.3724/SP.J.1006.2014.00951.
- [19] McGregor C E, Lambert C A, Greyling M M, et al. A comparative assessment of DNA fingerprinting techniques (RAPD, ISSR, AFLP and SSR) in tetraploid potato (*Solanum tuberosum* L.) germplasm [J]. *Euphytica*, 2000, 113(2): 135–144. DOI: 10.1023/A: 1003925620546.
- [20] Grant D, Nelson R T, Cannon S B, et al. SoyBase, the USDA-ARS soybean genetics and genomics database [J]. *Nucleic Acids Res*, 2010, (38database issue) : D843–D846. DOI: 10.1093/nar/gkp798.
- [21] Liu K J, Muse S V. PowerMarker: an integrated analysis environment for genetic marker analysis [J]. *Bioinformatics*, 2005, 21(9): 2128–2129. DOI: 10.1093/bioinformatics/bti282.
- [22] Peakall R, Smouse P E. GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research—an update [J]. *Bioinformatics*, 2012, 28(19): 2537–2539. DOI: 10.1093/bioinformatics/bts460.
- [23] Letunic I, Bork P. Interactive tree of life (iTOL) v3: an online tool for the display and annotation of phylogenetic and other trees [J]. *Nucleic Acids Res*, 2016, 44(W1): W242–W245. DOI: 10.1093/nar/gkw290.
- [24] Pritchard J K, Stephens M, Donnelly P. Inference of population structure using multilocus genotype data [J]. *Genetics*, 2000, 155(2): 945–959.
- [25] 高晓玲, 吴慧, 陈琪, 等. 黄淮海和南方大豆育成品种的目标起始密码子(SCoT)遗传多样性分析[J]. *大豆科学*, 2016, 35(5): 717–722.
- [26] 吴慧, 高晓玲, 陈琪, 等. 基于 EST-SSR 标记的黄淮海和南方大豆育成品种遗传多样性研究[J]. *大豆科学*, 2017, 36(3): 327–334.
- [27] Kumar D, Chhokar V, Sheoran S, et al. Characterization of genetic diversity and population structure in wheat using array based SNP markers [J]. *Mol Biol Rep*, 2020, 47 (1) : 293–306. DOI: 10.1007/s11033-019-05132-8.
- [28] Dong D, Fu X, Yuan F, et al. Genetic diversity and population structure of vegetable soybean (*Glycine max* (L.) Merr.) in China as revealed by SSR markers [J]. *Genet Resour Crop Evol*, 2014, 61 (1) : 173–183. DOI: 10.1007/s10722-013-0024-y.
- [29] 文自翔, 赵团结, 丁艳来, 等. 中国栽培及野生大豆的遗传多样性、地理分化和演化关系研究[J]. *科学通报*, 2009, 54(21): 3301–3310.
- [30] 盖钧镒, 汪越胜. 中国大豆品种生态区域划分的研究 [J]. *中国农业科学*, 2001, 34(2): 139–145. DOI: 10.3321/j.issn: 0578-1752.2001.02.005.
- [31] 宋喜娥, 李英慧, 常汝镇, 等. 中国栽培大豆 (*Glycine max* (L.) Merr.) 微核心种质的群体结构与遗传多样性 [J]. *中国农业科学*, 2010, 43(11): 2209–2219.
- [32] 李英慧, 常汝镇, 邱丽娟. 保存大豆种质遗传完整性的策略: 基于 SSR 分子标记选择纯系 [J]. *中国农业科学*, 2010, 43(19): 3930–3936.

(责任编辑:胡志勇)