

DOI: 10.3724/SP.J.1006.2011.00443

## 大豆微核心种质在黄淮地区的区域适应性分析

刘章雄<sup>1</sup> 杨春燕<sup>2</sup> 徐冉<sup>3</sup> 卢为国<sup>4</sup> 乔勇<sup>1</sup> 张礼凤<sup>3</sup> 常汝镇<sup>1</sup>  
邱丽娟<sup>1,\*</sup>

<sup>1</sup> 中国农业科学院作物科学研究所 / 农作物基因资源与基因改良国家重大科学工程 / 农业部作物种质资源利用重点开放实验室, 北京 100081; <sup>2</sup> 河北省农林科学院粮油作物研究所, 河北石家庄 050031; <sup>3</sup> 山东省农业科学院作物研究所, 山东济南 250010; <sup>4</sup> 河南省农业科学院经济作物研究所, 河南郑州 450002

**摘要:** 运用主效可加互作可乘(AMMI)模型, 对黄淮地区三省两年的60份大豆微核心种质数据进行了分析, 目的是对参试种质的环境稳定性和适应性进行评价。结果表明, 株高、有效分枝数、百粒重和产量性状的基因型与环境互作效应(G×E)占总平方和的16.73%~24.57%, 均达到极显著水平, 说明有进一步进行稳定性分析的必要。不同种质不同性状在各试验点具有不同的适应性, 部分种质某一性状具有广泛适应性, 而部分种质只在某一特定环境才能表现其潜力。本研究结果将为黄淮地区微核心种质在育种实践中的有效利用提供理论依据。

**关键词:** 大豆; 微核心种质; AMMI; 双标图; 区域适应性

## Adaptability of Soybean Mini Core Collections in Huang-Huai Region

LIU Zhang-Xiong<sup>1</sup>, YANG Chun-Yan<sup>2</sup>, XU Ran<sup>3</sup>, LU Wei-Guo<sup>4</sup>, QIAO Yong<sup>1</sup>, ZHANG Li-Feng<sup>3</sup>, CHANG Ru-Zhen<sup>1</sup>, and QIU Li-Juan<sup>1,\*</sup>

<sup>1</sup> National Key Facility for Gene Resources and Genetic Improvement / Key Laboratory of Crop Germplasm Utilization, Ministry of Agriculture, Institute of Crop Sciences, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081, China; <sup>2</sup> Institute of Grain and Oil Crops Research, Hebei Academy of Agriculture and Forestry Sciences, Shijiazhuang 050031, China; <sup>3</sup> Crop Research Institute, Shandong Academy of Agricultural Sciences, Jinan 250010, China; <sup>4</sup> Institute of Industrial Crops Research, Henan Academy of Agricultural Sciences, Zhengzhou 450002, China

**Abstract:** Accurate identification and evaluation of germplasm can enhance its effective use. To evaluate the environmental adaptability and stability of Chinese soybean germplasm, we applied the additive main effects and multiplicative interaction (AMMI) model to analyze the two years' data of the 60 mini core collections of soybean in three provinces in the Huang-Huai region. The results showed that the interactions between the genotypes and environment (G×E) for plant height, effective branch number, 100-seed weight, and yield per unit area were highly significant ( $P < 0.01$ ), and the squares of G×E to total squares were 16.73–24.57%, suggesting a need of further analysis for the stability of varieties. The phenotypes of different varieties were dependent on the planting sites, and some germplasm performed wide adaptability while others not in particular environment. The results laid a theoretical foundation to effectively use mini core collection for soybean breeding in Huang-Huai region.

**Keywords:** Soybean; Mini core collection; AMMI; Biplot; Regional adaptability

我国共有栽培大豆和一年生野生大豆3万余份<sup>[1]</sup>。在表型上存在丰富的遗传多样性, 对于其中蕴含优异基因的挖掘和利用具有重要意义, 但鉴定和评价的种质数量庞大。本课题组自1998年来经过10年的努力, 在将SSR标记数据和农艺学数据相结合的基础上<sup>[2-6]</sup>, 利用种质分类法进行核心种质的分层取样<sup>[7]</sup>并最终构建了大豆微核心种质<sup>[1]</sup>。微核心种质能

够以较少的种质代表总体种质的遗传多样性, 对其鉴定和评价可以有效的克服庞大的资源规模所带来的困难和压力, 节省大量的时间, 从而方便并有效促进种质的利用。我国资源的评价在目录中有记载, 但与产量相关性状较少。

主效可加互作可乘模型(additive main effects and multiplicative interaction model, AMMI模型)早

本研究由农业部保种项目“大豆种质资源精准鉴定和展示”[NB08-2130315-(25-31)-06, NB07-2130315-(25-30)-06, NB06-07040(22-27)-05]和国家重点基础研究发展计划(973计划)项目(2004CB117203)资助。

\* 通讯作者(Corresponding author): 邱丽娟, E-mail: qiu\_lujuan@263.net, Tel: 010-82106826

第一作者联系方式: E-mail: hbhhlk@yahoo.com.cn

Received(收稿日期): 2010-06-28; Accepted(接受日期): 2010-09-27.

在 20 世纪 80、90 年代就已被应用到基因型×环境型 (G×E)互作的分析上<sup>[8-11]</sup>。模型通过从加性模型的残差中分离模型误差与干扰可以提高估计的准确性,并且借助于双标图可以直观地描绘和分析基因型与环境交互作用的模式<sup>[12]</sup>。由于 AMMI 模型能够很好的解释基因型与环境的互作效应,因此已被广泛应用于对许多作物的区域产量<sup>[13-16]</sup>数据和其他品质性状<sup>[17-19]</sup>数据的分析上。在大豆的相关报道中,模型多集中应用于区域产量分析<sup>[20-22]</sup>、基于大豆产量数据的各种分析模型<sup>[23-26]</sup>及油分和粗蛋白含量<sup>[27]</sup>的分析上,而对于产量相关性状或农艺学性状的研究还未见报道。

本研究主要利用 AMMI 模型对黄淮地区 2 年 3 省的 60 份微核心种质的株高、有效分枝数、百粒重、单位面积产量等数量性状的基因型与环境的互作效应进行研究,目的是明确不同种质不同性状的适应性,从而为核心种质在育种中的利用提供理论指导。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料

以黄淮大豆微核心种质 60 份(表 1),分别于 2008 和 2009 年在河北省农林科学院粮油作物研究所试验基地(试验点编号分别为 A 和 B)、河南省农业科学院经济作物研究所试验基地(试验点编号分别为

表 1 参试微核心种质统一编号及相应种质名称  
Table 1 Code and name of core collections in study

编号 No.	统一编号 Given code	种质名称 Variety name	编号 No.	统一编号 Given code	种质名称 Variety name
1	ZDD01612	兔儿眼 Tu'eryan	31	ZDD08190	样田小黄豆 Yangtianxiaohuangdou
2	ZDD01629	白脐大豌豆 Baiqidawandou	32	ZDD08228	南关小皮青 Nanguanxiaopiqing
3	ZDD01683	第六黄豆-2 Diliuhuangdou-2	33	ZDD08238	赤城绿黄豆 Chichenglühuangdou
4	ZDD01720	四角齐黄豆 Sijiaoqihuangdou	34	ZDD08251	大屯小黑豆 Datunxiaohaidou
5	ZDD01983	白皮黄豆 Baipihuangdou	35	ZDD08352	本地大黄豆 Bendidahuangdou
6	ZDD02096	天鹅蛋 Tian'edan	36	ZDD08472	黑豆 Heidou
7	ZDD02114	天鹅蛋 Tian'edan	37	ZDD08564	小圆黄豆 Xiaoyuanhuangdou
8	ZDD02134	小黄豆 Xiaohuangdou	38	ZDD08603	小黄豆 Xiaohuangdou
9	ZDD02149	黄秆豆 Huanggandou	39	ZDD08633	青棵圆豆 Qingkeyuandou
10	ZDD02159	大黑豆 Daheidou	40	ZDD08650	黄豆<2> Huangdou<2>
11	ZDD02315	灰皮支黑豆 Huipizhiheidou	41	ZDD08690	小黄豆 Xiaohuangdou
12	ZDD02400	夏黑豆 Xiaheidou	42	ZDD08697	榆选 13 Yuxuan 13
13	ZDD02626	胜利 3 号 Shengli 3	43	ZDD08728	白露豆 Bailudou
14	ZDD02764	四粒圆 Siliyuan	44	ZDD08928	六十日白豆 Liushiribaidou
15	ZDD02864	平顶黄豆 Pingdinghuangdou	45	ZDD09136	小青豆 Xiaoqingdou
16	ZDD02866	大白皮 Dabaipi	46	ZDD09279	小黑豆 Xiaohaidou
17	ZDD02891	大黄豆 Dahuangdou	47	ZDD10100	郑 8516 Zheng 8516
18	ZDD02892	大天鹅蛋 Datian'edan	48	ZDD18524	下台子磨石豆 Xiataizimoshidou
19	ZDD02913	小米豆 Xiaomidou	49	ZDD18529	猫眼豆 Maoyandou
20	ZDD02921	青 6 号 Qing 6	50	ZDD18558	花黑虎 Huaheihu
21	ZDD02940	绿草豆 Lücaodou	51	ZDD18632	冀豆 7 号 Jidou 7
22	ZDD02990	二粒黑豆 Erliheidou	52	ZDD18771	青豆 Qindou
23	ZDD03026	平顶黑 Pingdinghei	53	ZDD18835	猫眼豆 Maoyandou
24	ZDD03106	茶豆 Chadou	54	ZDD18870	东山 69 Dongshan 69
25	ZDD03153	泌阳小籽黄 Biyangxiaozihuang	55	ZDD19027	绿皮黄豆 Lüpihuangdou
26	ZDD03237	浙川鸡窝黄 Xichuanjiwohuang	56	ZDD19131	毛豆 Maodou
27	ZDD03293	泌阳牛毛黄 Biyangniumaohuang	57	ZDD19144	气死洼 Qisiwa
28	ZDD03540	博爱红皮皂角 Bo'aihongpizaojiao	58	ZDD19293	早熟黑豆 Zaoshuheidou
29	ZDD03570	信阳羊眼豆 Xinyangyangandou	59	ZDD19381	高作选 1 号 Gaozuoxuan 1
30	ZDD08018	密云老爷脸 Miyunlaoyelian	60	ZDD19409	豫豆 18 Yudou 18

C 和 D)、山东省农业科学院作物研究所试验基地(试验点编号分别为 E 和 F)进行 6 点次试验。采用随机区组设计, 3 行区, 3 次重复, 行长 3 m, 株距 10 cm, 行距 0.45 m。成熟后在每小区中间行中部取长势均匀一致的 10 个单株分别调查株高、有效分枝数, 分小区收获并调查百粒重、单位面积产量等性状。

## 1.2 分析方法

运用 IRRISTAT5.0 软件处理试验数据, 利用 AMMI 模型分析结果。

$$y_{ijk} = \mu + \alpha_i + \beta_j + \sum_{r=1}^N \theta_r \gamma_{ir} \delta_{jr} + \rho_{ij} + \varepsilon_{ijk}$$

式中  $y_{ijk}$  是第  $i$  个种质在环境  $j$  的第  $k$  次重复的观察值,  $\mu$  为总平均,  $\alpha_i$  为第  $i$  个基因型与总平均的离差(即基因型主效应),  $\beta_j$  为第  $j$  个环境与总平均的离差(即环境主效应),  $\theta_r$  为第  $r$  个交互效应主成分轴(IPCA)的特征值,  $\gamma_{ir}$  为第  $r$  轴的基因型特征向量值,  $\delta_{jr}$  为第  $r$  轴环境特征向量值,  $\rho_{ij}$  为提取  $N$  个轴后留下的残差,  $\varepsilon_{ijk}$  为试验误差<sup>[12]</sup>。其中  $\sum \lambda_s \gamma_{is} \delta_{js}$  ( $=\lambda_s^{0.5} \gamma_{is} \times \lambda_s^{0.5} \delta_{js}$ ) 即所估算的基因型与环境交互作用( $G \times E$ )<sub>ij</sub>,  $\lambda_s^{0.5} \gamma_{is}$  和  $\lambda_s^{0.5} \delta_{js}$  分别为基因型  $i$  与地点  $j$  的第  $s$  个交互作用主成分值(IPCAs 值)。对所得数据分类作图得到相应 AMMI 模型双标图并进行相应分析。但是当 IPCA 轴为 3 个或以上时, 仅利用双标图就不一定能准确判断种质的稳定性差异<sup>[12]</sup>。因此, 在这种情况下我们将利用  $D_i$  (特定基因型在 IPCA 空间中 和原点的距离)值这一具体的数字指标来准确判断稳定性。

$$D_i = \sqrt{\sum_{s=1}^c \gamma_{is}^2} \quad I=1, 2, \dots, G$$

其中  $c$  为显著的 IPCA 个数,  $\gamma_{is}$  为第  $i$  个基因型在第  $s$  个 IPCA 上的值。

## 2 结果与分析

### 2.1 方差分析和 AMMI 模型分析

株高、有效分枝数、百粒重和产量 4 个性状的基因型、试点、 $G \times E$  的方差结果均极显著, 且基因型与环境交互效应( $G \times E$ )占总平方和的 16.73%~24.57%,  $G \times E$  的显著性结果说明对数量性状进行检测需要多年多点分析以确定其稳定性(表 2)。

在株高、有效分枝数和百粒重 3 个性状中, 基因型的平方和分别占总平方和的 60.14%、37.20%和 67.03%, 大于其相对应的试点(5.35%、5.25%和

1.07%)和交互(19.32%、24.57%和 16.73%)平方和在总平方和中的比例, 由此可见, 基因型对这 3 个性状的变异起很大作用; 而对于产量性状, 试点平方和占总平方和的 33.63%, 说明不同试点对产量的变异有很大的影响。

从表 2 可知, 每个性状  $G \times E$  分解的乘积项均表现为极显著, 4 个性状的前 2 个交互效应主成分值平方和分别解释了 61.21%、61.74%、84.73%和 61.46%的交互效应总平方和, 因此前 2 个交互主成分的值就能够准确代表种质与环境的交互效应。说明 AMMI 模型适于阐明以上 4 个性状的  $G \times E$  的交互效应。

### 2.2 基于 AMMI 模型的双标图分析

根据 AMMI 模型的分析数据结果, 获得了 4 个性状 AMMI 模型双标分析图(图 1~图 4)。

不同基因型株高均值和 IPCA1 值形成了 AMMI1 双标图(图 1-a), 该图解释了 84.5%的处理(基因型+试点+ $G \times E$  交互)平方和。其中株高均值为横坐标, IPCA1 值为纵坐标; 图中水平直线代表 IPCA1=0 的株高均值, 种质越靠近水平线适应性(稳定性)越高。水平方向上种质相对试点分布更广, 因此种质的变异幅度大于环境(变异系数: 0.1948>0.0634); 株高均值最大的是种质 55 (154.83 cm), 最小的是种质 10 (65.9 cm); 参试地点 A 和 F 的株高均值(98.01 cm, 98.85 cm)相当, 但试点间的  $G \times E$  交互效应差异较大( $D_i=8.70, 6.54$ ); 另外, 种质 55 (均值=154.83 cm,  $D_i=4.62$ )株高均值虽高但稳定性很差, 种质 01 稳定性很好但株高均值较低(均值=61.18 cm,  $D_i=0.12$ ), 种质 12 (均值=139.44 cm,  $D_i=0.37$ )及 39 (均值=97.33 cm,  $D_i=0.34$ )稳定性较好。

株高的 IPCA1 和 IPCA2 值形成了 AMMI2 双标图(图 1-b)。模型的前 2 个交互乘积项解释了株高 61.2%的  $G \times E$  交互效应的平方和。图中原点的 IPCA=0, 种质越接近原点稳定性越好; 试点和原点的距离长短表示  $G \times E$  交互效应的大小; 种质在试点和原点连线的垂直投影长短表示种质在该试点的适应程度。由图可知, 种质和试点的交互程度为  $A > F > C > E > D > B$  ( $D_i: 8.70 > 6.54 > 6.26 > 5.53 > 5.52 > 2.83$ ); 种质 20 在试点 A 与原点的连线上有最长的垂直投影距离, 因此种质 20 在试点 A 有较强的特殊适应性, 同理的还有种质 55 在 E、种质 43 在 F、种质 04 在 B、C 和 D。

有效分枝数 AMMI1 双标图(图 2-a), 解释了 74.8%的处理的平方和。由图可知, 种质的有效分枝数的变异大于环境(变异系数: 0.2746>0.1117); 有效分枝数均值最大的是种质 09 (5.06 个), 最小的是种

表 2 2008–2009 年度黄淮微核心种质部分数量性状的方差和 AMMI 模型分析  
 Table 2 Analysis of variance and AMMI model of partial quantitative traits of mini core collection in Huang-Huai Region in 2008–2009

性状 Trait	变异来源 Variance source	自由度 <i>df</i>	平方和 Sum of square	均方 Mean square	<i>F</i> 值 <i>F</i> -value	占总平方和百分比 Percentage of the total sum of squares
株高 Plant height	处理 Treatment	359	554229.240	1543.814	10.918**	
	基因型 Genotype	59	392981.500	6660.703	47.107**	60.14
	参试地点 Site	5	34979.940	6995.988	49.478**	5.35
	G×E	295	126267.800	428.026	3.027**	19.32
	IPCA1	63	43137.900	684.729	4.843**	34.16
	IPCA2	61	34151.400	559.859	3.960**	27.05
	IPCA3	59	22960.590	389.163	2.752**	18.18
	IPCA4	57	15635.880	274.314	1.940**	12.38
	G×E 残差 G×E residual	55	10382.030	188.764	1.335	8.22
误差 Error	702	99259.430	141.395			
有效分枝数 Effective branch number	处理 Treatment	359	1510.447	4.207	3.962**	
	基因型 Genotype	59	838.364	14.210	13.379**	37.20
	参试地点 Site	5	118.218	23.644	22.262**	5.25
	G×E	295	553.865	1.878	1.768**	24.57
	IPCA1	63	193.709	3.075	2.895**	34.97
	IPCA2	61	148.250	2.430	2.288**	26.77
	IPCA3	59	93.778	1.589	1.497**	16.93
	G×E 残差 G×E residual	112	118.127	1.055	0.993	21.33
	误差 Error	700	743.438	1.062		
百粒重 100-seed weight	处理 Treatment	359	16788.841	46.766	10.829**	
	基因型 Genotype	59	13265.360	224.837	52.062**	67.03
	参试地点 Site	5	211.652	42.330	9.802**	1.07
	G×E	295	3311.829	11.227	2.600**	16.73
	IPCA1	63	1781.274	28.274	6.547**	53.79
	IPCA2	61	1024.725	16.799	3.890**	30.94
	G×E 残差 G×E residual	171	505.830	2.958	0.685	15.27
	误差 Error	695	3001.437	4.319		
	单位面积产量 Yield per unit area	处理 Treatment	359	500513101.600	1394187.000	6.277**
基因型 Genotype		59	150071034.500	2543577.000	11.452**	22.72
参试地点 Site		5	222106771.400	44421354.000	200.004**	33.63
G×E		295	128335295.700	435034.900	1.959**	19.43
IPCA1		63	46263300.000	734338.100	3.306**	36.05
IPCA2		61	32610000.000	534590.200	2.407**	25.41
IPCA3		59	24183090.000	409882.900	1.845**	18.84
G×E 残差 G×E residual		112	25278905.700	225704.510	1.016	19.70
误差 Error		720	159913602.600	222102.200		

\*\*表示在 0.01 的水平上极显著。 \*\* Significant difference at the 0.01 probability level.

质 51 (0.85 个); 大部分种质的 IPCA1 的值接近于零, 说明大部分参试微核心种质的有效分枝数相对稳定, 其中种质 09 (均值=5.06 个,  $D_i=0.20$ )和 11 (均值=4.87 个,  $D_i=0.36$ )的均值较大且稳定性较好, 种质 32 (均值=2.31 个,  $D_i=0.13$ )的有效分枝数较适合且稳

定性较好。AMMI2 (图 2-b)模型的前 2 个交互乘积项解释了 61.7%的 G×E 交互效应的平方和。由图可见, 大部分种质都很接近原点, 说明大部分种质稳定性较好, 恰好与 AMMI1 双标图的结果相符; 由原点和试点的连线距离看, 种质和试点的交互程度为

E>D>C>A>B>F ( $D_i$ : 2.47>2.18>1.49>1.02>0.86>0.48); 种质 33 在试点 E、种质 54 在试点 D、种质 49 在试点 A、种质 12 在试点 D 和种质 23 在试点 C 有较强的特殊适应性。

百粒重均值和 IPCA1 值的双标图(图 3-a)解释了 90.2% 的处理的平方和。其中种质的百粒重值变异大于环境(变异系数: 0.215>0.0294); 百粒重均值最大的是种质 47 (25.65 g), 最小的是种质 46 (8.96 g); 试

点 B、D、E、F 坐标点很接近, 说明这 4 个试点的百粒重均值(均值为 16.41、16.86、16.35 和 17.13 g)和 G×E 交互效应( $D_i$  为 1.38、1.47、1.71 和 1.31)差别不大; 种质 47 的百粒重均值最大但稳定性差(均值=25.65 g,  $D_i$ =1.45), 种质 14 (均值=25.50,  $D_i$ =0.58)和种质 38 (均值=19.58,  $D_i$ =0.24)的稳定性较好。AMMI2 (图 3-b)模型的前 2 个交互乘积项解释了 84.7% 的 G×E 交互效应平方和。种质和试点的交互

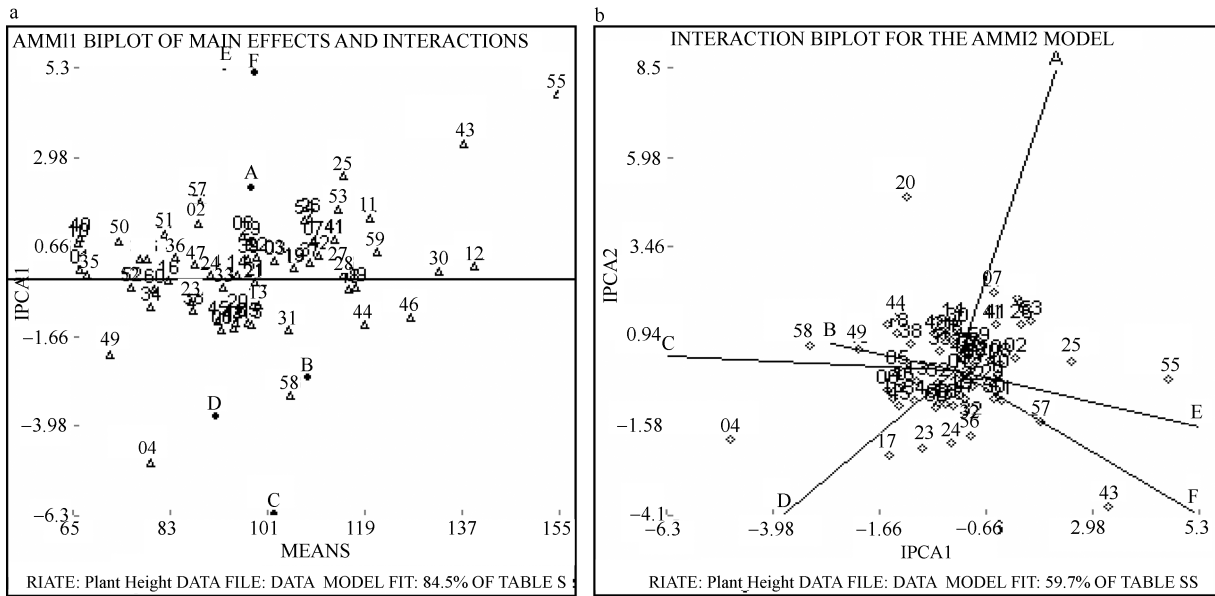


图 1 株高的 AMMI 双标图  
Fig. 1 AMMI biplot of plant height

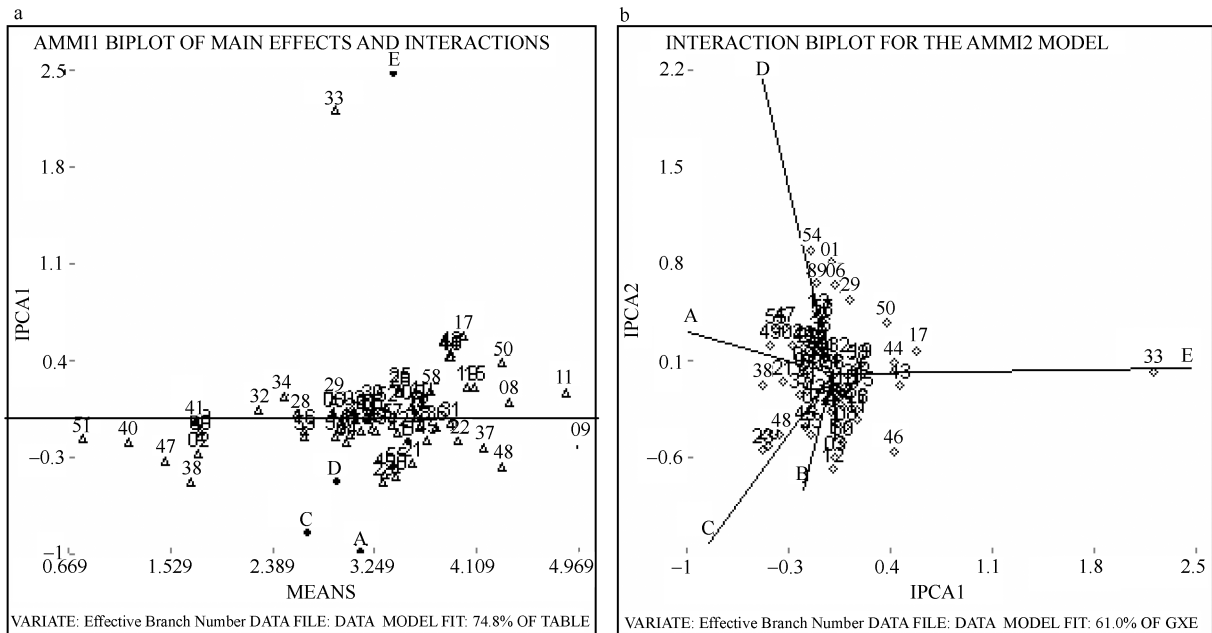


图 2 有效分枝数的 AMMI 双标图  
Fig. 2 AMMI biplot of effective branch number

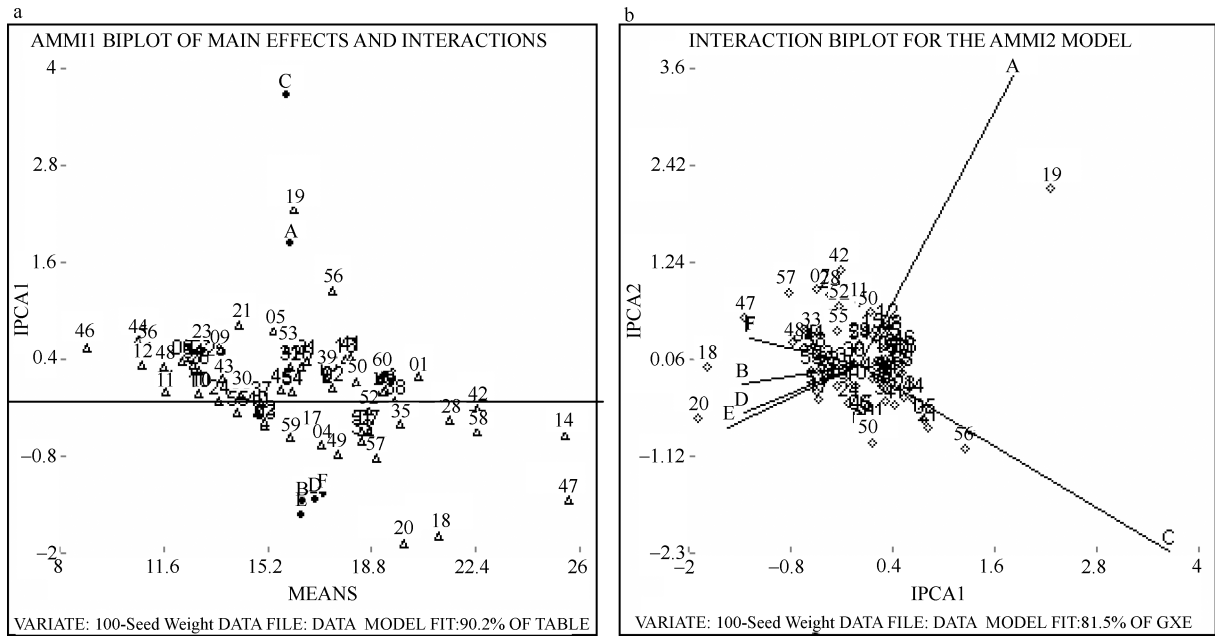


图 3 百粒重的 AMMI 双标图  
Fig. 3 AMMI biplot of 100-seed weight

程度为 C>A>E>D>B>F ( $D_i$ : 4.30>3.95>1.71>1.47>1.38>1.31); 种质 19 在试点 A、种质 56 在试点 C、种质 20 在试点 B、D 和 E、种质 47 在试点 F 有较强的特殊适应性。

单位面积产量均值和 IPCA1 值的双标图(图 4-a)解释了 83.6% 的处理的平方和。由图可知, 种质的产量变异大于环境(变异系数: 0.2248>0.1701); 种质 59 单位面积产量均值最大(3 070.07 kg hm<sup>-2</sup>), 种质

07 最小(1 647.35 kg hm<sup>-2</sup>); 种质 51 (均值=3 068.79 kg hm<sup>-2</sup>,  $D_i=7.87$ )和 60 (均值=3 028.85 kg hm<sup>-2</sup>,  $D_i=12.45$ )高产且稳定, 种质 49 (均值=1 777.83 kg hm<sup>-2</sup>,  $D_i=5.03$ )稳定性很好但产量太低。AMMI2 (图 4-b)模型的前 2 个交互乘积项解释了 61.5% 的 G×E 交互效应的平方和。种质和试点的交互程度为 C>A>D>B>E>F ( $D_i$ : 48.70>45.18>36.93>32.46>14.79>13.26); 种质 34 在试点 A、种质 11 在试点 B、种质

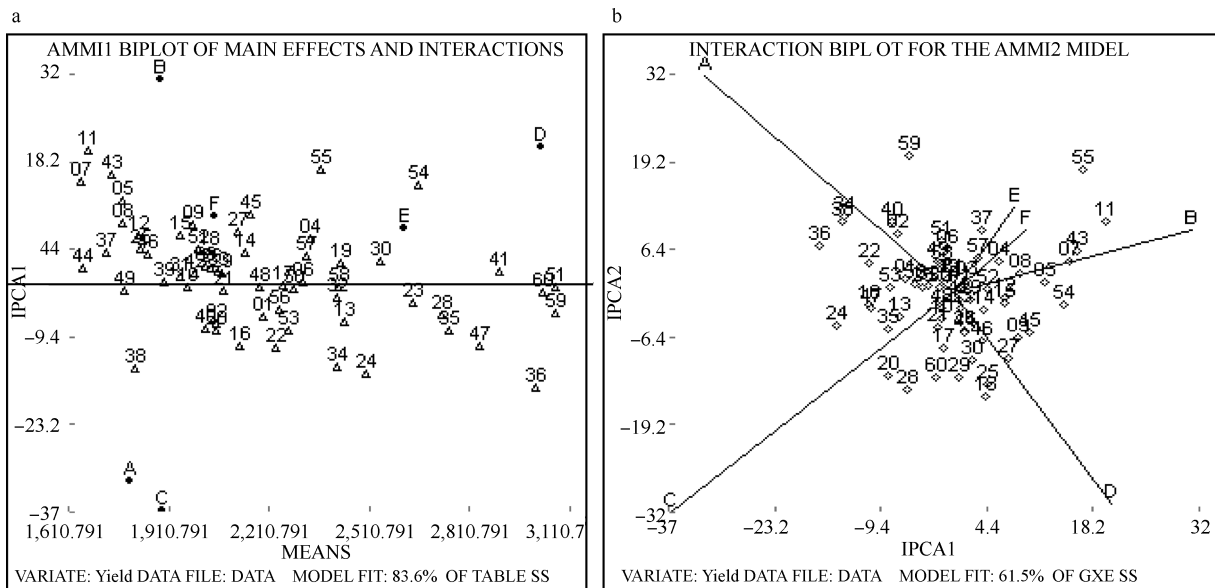


图 4 单位面积产量的 AMMI 双标图  
Fig. 4 AMMI biplot of yield per unit area

55 在试点 E 和 F、种质 18 在试点 D、种质 28 在试点 C 有较强的特殊适应性; 试点 A 和 D 与原点的连线几乎成水平, 说明种质如在 A 点有较大的正相关, 那么在 D 点就会有较大的负相关。

### 2.3 $D_i$ 值、稳定性及性状相关性分析

双标图能直观的反应种质稳定性, 而  $D_i$  值(图 5) 是从数值的角度来对参试品种的稳定性进行评估。 $D_i$  值越低则种质的稳定性越好。根据  $D_i$  值将种质的稳定性排名, 从株高、有效分枝数、百粒重和单位面积产量 4 个性状看,  $D_i$  值最低的品种是种质 1、56、30 和 42。

另外, 研究对种质不同性状的  $D_i$  值与其对应性状值、播种类型、生育日数和粒色进行相关性分析。结果显示(表 3), 仅百粒重  $D_i$  值与其性状值呈极显著正相关性, 即百粒重值越大, 则种质  $D_i$  值越大, 稳定性越差。

## 3 讨论

基因型和环境的互作对作物性状的准确评价有

较大影响, AMMI 模型将方差分析和主成分分析综合应用, 不仅能够判断出种质的性状稳定性, 还能够利用双标图直观地展示出种质和环境的适应性, 这在育种或生产上都具有非常重要的实际指导意义。

本研究结果显示不同种质不同性状的稳定性不同, 有些种质某一性状具有较广泛的适应性, 可以被多个试点利用, 如: 种质 59 (高作选 1 号)产量最高但稳定性并不最佳, 相比之下种质 51 (冀豆 7 号) 具有很好的稳定性和较高的产量。而有些种质只在某一试点有较特殊的适应性, 可有较好的利用效果, 例如种质 34 (大屯小黑豆)在试点 A (河北, 2008), 种质 55 (绿皮黄豆)在试点 B (河北, 2009)、E (山东, 2008)、F (山东, 2008), 种质 28 (博爱红皮皂荚)在试点 C (河南, 2008), 种质 18 (大天鹅蛋)在试点 D (河南, 2009)有特殊的环境适应性。另外, 通过图 5 可知, 4 个性状均表现稳定的只有种质 10 (大黑豆), 而 3 个性状表现较稳定的有种质 31 (样田小黄豆)和 39 (青棵圆豆), 这一结果从另一方面说明本研究中地方种质综合性状表现均较好的较少, 这也在一定程

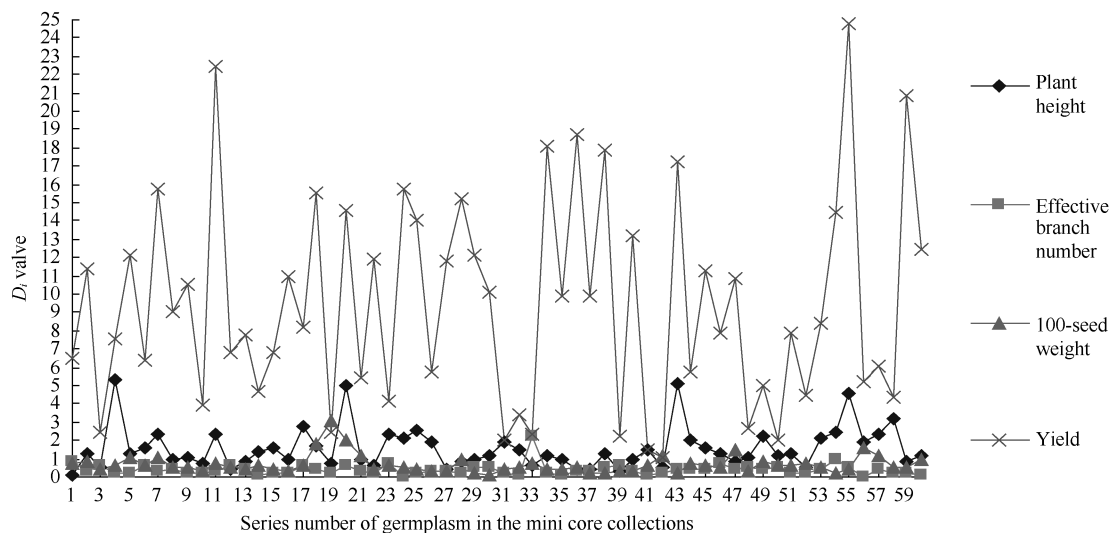


图 5 60 份大豆参试种质 4 个性状的  $D_i$  值曲线图  
Fig. 5 Graph of  $D_i$  values on four traits of 60 accessions in soybean mini core collection

表 3 基于  $D_i$  值的性状稳定性与表型性状的相关性  
Table 3 Correlations between trait stability based on  $D_i$  value and trait measurement

表型 Trait	表型均值 Mean	播种类型 Sowing season type	生育日数 Growth period	粒色 Seed-coat color
株高稳定性 Stability of plant height	0.16	0.03	0.04	0.01
有效分枝数稳定性 Stability of effective branch number	0.16	-0.20	0.12	0.09
百粒重稳定性 Stability of 100-seed weight	0.38**	0.21	0.04	-0.13
单位面积产量稳定性 Stability of yield per unit area	0.08	0.02	0.02	0.11

\*\* 表示在 0.01 的水平上极显著。 \*\* Significant difference at the 0.01 probability level.

度上影响了育种家对地方种质利用的积极性。

种质的性状适应性和稳定性在不同的环境中存在明显差异。例如, 种质 43 (大屯小黑豆)和种质 28 (博爱红皮皂角)分别原产于河北和河南, 在图 4-b 中显示分别在 A 试点(河北 2008)和 C 试点(河南 2008)有特殊的适应性, 同样原产于山东的种质 18 (大天鹅蛋)在百粒重的 AMMI2 双标图中也显示在 F 试点(山东 2009)有特殊的适应性。但是从图 4-b 中同样发现, 原产于山东的种质 18 (大天鹅蛋)却在 D 试点(河南 2009)有较强的特殊适应性; 此外, 原产于山东的种质 19 (小米豆)和种质 56 (毛豆)却在试点 A (河北 2008)和试点 C (河南 2008)有较强的适应性。这一结果与冬播小麦品质性状的部分结果<sup>[19]</sup>相一致, 说明种质在其来源地种植, 即使是产量性状也不一定表现出最佳的适应性。因此, 通过对种质的适应性和稳定性进行评价, 可为今后种质更新寻找最佳适宜地点提供指导性意见。

在相关性分析中, 百粒重均值与  $D_i$  值呈现极显著正相关, 即百粒重值小, 则百粒重性状越稳定。一般认为野生大豆较栽培大豆具有更好的适应性和稳定性, 而野生大豆籽粒均较小, 这种关联性尚没有研究报道, 需要进一步研究证实。

本研究认为, 对于黄淮海地区微核心种质, 应根据种质性状的不同稳定性方式, 即广适应性和特殊适应性有目的利用, 从而有效发挥种质潜力, 更好为育种工作服务。

#### 4 结论

不同种质不同性状的稳定性有差异, 应根据具体表现有针对性利用, 种质 51 (冀豆 7 号)的产量性状、种质 39 (青棵圆豆)的株高性状、种质 32 (南关小皮青)的有效分枝数性状、种质 14 (四粒圆)的百粒重性状等具有广泛的适应性且稳定性好, 可在黄淮海地区广泛利用; 种质 34 (大屯小黑豆)、种质 55 (绿皮黄豆)等具有特殊的环境适应性, 可在黄淮海地区某一特定区域利用。百粒重与  $D_i$  值极显著正相关, 百粒重越小, 则百粒重性状越稳定。大豆种质最佳适应区域不一定是其来源地。

#### References

- [1] Qiu L-J(邱丽娟), Li Y-H(李英慧), Guan R-X(关荣霞), Liu Z-X(刘章雄), Wang L-X(王丽霞), Chang R-Z(常汝镇). Establishment, representative testing and research progress of soybean core collection and mini core collection. *Acta Agron Sin* (作物学报), 2009, 35(4): 571-579 (in Chinese with English abstract)
- [2] Luan W-J(栾维江), Liu Z-X(刘章雄), Guan R-X(关荣霞), Chang R-Z(常汝镇), He B-R(何蓓如), Qiu L-J(邱丽娟). Representative and genetic diversity at SSR loci for northeast spring sowing soybeans. *Chin J Appl Ecol* (应用生态学报), 2005, 16(8): 1469-1476(in Chinese with English abstract)
- [3] Wang L X, Lin F Y, Luan W J, Li W, Guan R X, Li Y H, Ma Y S, Liu Z X, Chang R Z, Qiu L J. Genetic diversity of Chinese spring soybean germplasm revealed by SSR markers. *Plant Breed*, 2008, 127: 56-61
- [4] Lin F-Y(林凡云), Qiu L-J(邱丽娟), Chang R-Z(常汝镇), He B-R(何蓓如). Genetic diversity of landrace and bred varieties of soybean in Shaanxi, China. *J Oil Crop Sci* (中国油料作物学报), 2003, 25(3): 24-29(in Chinese with English abstract)
- [5] Xie H, Guan R X, Chang R Z, Qiu L J. Genetic diversity of the summer soybean germplasm in China revealed by SSR markers. *Chin Sci Bull* (科学通报), 2005, 50: 526-536 (in Chinese)
- [6] Guan Y(关媛), E W-D(鄂文弟), Wang L-X(王丽侠), Guan R-X(关荣霞), Liu Z-X(刘章雄), Chang R-Z(常汝镇), Qu Y-Y(曲延英), Qiu L-J(邱丽娟). Analysis of factors influencing the genetic diversity evaluation using two soybean (*Glycine max* L. Merr.) collections from Hunan and Hubei. *Acta Agron Sin* (作物学报), 2007, 33(3): 461-468 (in Chinese with English abstract)
- [7] Wang L X, Guan Y, Guan R X, Li Y H, Ma Y S, Dong Z M, Liu X, Zhang H Y, Zhang Y Q, Liu Z X, Chang R Z, Xu H M, Li L H, Lin F Y, Luan W J, Ya N Z, Ning X C, Zhu L, Cui Y H, Piao R H, Liu Y, Chen P Y, Qiu L J. Establishment of Chinese soybean (*Glycine max*) core collections with agronomic traits and SSR markers. *Euphytica*, 2006, 151: 215-223
- [8] Frankel O H, Brown A H D. Current plant genetic resources a critical appraisal. In: *Genetics: New Frontiers* (Vol. IV). New Delhi, 1984. pp 112-145
- [9] Kempton R A. The use of biplots in interpreting variety by environment interactions. *J Agric Sci Camb*, 1984, 103: 123-135
- [10] Zobel R W, Wright M J, Gauch H G. Statistical analysis of a yield trial. *Agron J*, 1988, 80: 388-393
- [11] Gauch H G Jr. Model selection and validation for yield trials with interaction. *Biometrics*, 1998, 44: 705-715
- [12] Zhang Z(张泽), Lu C(鲁成), Xiang Z-H(向仲怀). Analysis of variety stability based on AMMI model. *Acta Agron Sin* (作物学报), 1998, 24(3): 304-309 (in Chinese with English abstract)
- [13] Zeng X-Y(曾献英). Application of AMMI model to analyze regional trial data of cotton. *Cotton Sci* (棉花学报), 2004, 16(4): 233-235 (in Chinese with English abstract)
- [14] Liu J-H(刘俊恒), Hu N(胡宁), Liu X-P(刘小片), He D-Y(何代元), Ma Z-J(马兆锦), He Q(何琴). Study of AMMI model in data analysis of regional trial of maize. *Rain Fed Crops* (杂粮作物), 2009, 29 (3): 159-162 (in Chinese with English abstract)
- [15] An Y-W(安颖蔚), Gao X-N(高西宁), Ge W-D(葛维德). Application of AMMI model in the analysis of spring wheat regional trial data. *J Anhui Agric Sci* (安徽农业科学), 2006, 34(17): 4199-4200 (in Chinese with English abstract)
- [16] Qiang A-L(强爱玲), An Y-P(安永平). Application of AMMI



- model to analyze regional trial data of rice. *J Jilin Agric Sci* (吉林农业科学), 2007, 32(1): 5–7 (in Chinese with English abstract)
- [17] Zhang Y(张艳), He Z-H(何中虎), Wang L(王磊), Zhou G-Y(周桂英). Using additive main effects and multiplicative interaction model to analyze genotype and environment effects on protein content of winter wheat in China. *Acta Agric Boreali-Sin* (华北农学报), 2000, 15(suppl): 31–35 (in Chinese with English abstract)
- [18] Liu W-J(刘文江), Li H-J(李浩杰), Wang X-D(汪旭东), Zhou K-D(周开达). Stability analysis for elementary traits of hybrid rice by AMMI model. *Acta Agron Sin* (作物学报), 2002, 28(4): 569–573 (in Chinese with English abstract)
- [19] Guo T-C(郭天财), Ma D-Y(马冬云), Zhu Y-J(朱云集), Wang C-Y(王晨阳), Xia G-J(夏国军), Luo Y(罗毅). Genotype, environment and their interactive effects on main quality traits of winter-sown wheat variety. *Sci Agric Sin* (中国农业科学), 2004, 37(7): 948–953 (in Chinese with English abstract)
- [20] Zheng W(郑伟), Liu Y-H(刘玉红), Wang Y-X(王永祥), Yu Y(于勇), Wang S-B(王思斌), Liu G-M(刘国民). The application of biplot in yield analysis of soybean regional test. *Heilongjiang Agric Sci* (黑龙江农业科学), 2005, (6): 5–7 (in Chinese with English abstract)
- [21] Chen Z-X(陈志雄), Hu R-F(胡润芳), Lin G-Q(林国强). AMMI model analysis on regional test for new vegetable soybean varieties. *Soybean Bull* (大豆通报), 2007, (1): 32–33 (in Chinese with English abstract)
- [22] Zheng W(郑伟). Analysis on regional test of soybean variety by AMMI model. *Heilongjiang Agric Sci* (黑龙江农业科学), 2005, (2): 15–17 (in Chinese with English abstract)
- [23] Sneller C H, Dombek D. Comparing soybean cultivar ranking and selection for yield with AMMI and full-data performance estimates. *Crop Sci*, 35: 1536–1541
- [24] Sabaghnia N, Sabaghpour S H, Dehghani H. The use of an AMMI model and its parameters to analysis yield stability in multi-environment trials. *J Agric Sci*, 2008, 146: 571–581
- [25] Aremu C O, Adebayo T A, Oyekunle M, Ariyo O J. The relative discriminatory abilities of techniques measuring genotype  $\times$  environment interaction in soybean (*Glycine max* L. Merr.) in semi-arid and rain forest environments of Nigeria. *Agric J*, 2007, 2: 210–215
- [26] Asfaw A, Alemayehu F, Gurum F, Atnal M. AMMI and SREG GGE biplot analysis for matching varieties onto soybean production environments in Ethiopia. *Sci Res Essay*, 2009, 4: 1322–1330
- [27] Gurm F, Mohammed H, Alemaw G. Genotype  $\times$  environment interactions and stability of soybean for grain yield and nutrition quality. *African Crop Sci J*, 2009, 17: 87–99