

南方大豆核心种质主要农艺及产量性状的表型多样性评价

王瑞珍¹, 赵朝森¹, 程春明¹, 邱丽娟², 刘章雄², 赵现伟¹

(1. 江西省农业科学院 作物研究所, 江西 南昌 330200; 2. 中国农业科学院 作物科学研究所, 北京 100081)

摘要:对南方大豆 150 份核心种质的 15 个主要农艺及产量性状进行表型多样性分析。结果表明:底荚高度、株高、有效分枝数的变异系数均在 30% 以上,单株粒数、单株荚数、百粒重、单株粒重、单位面积产量的变异系数均在 20% 以上;主成分分析结果表明,前 5 个主成分对变异的累计贡献率达 88.432%,而其数量性状的差异主要是由生育期结构性状引起的;不同性状的多样性指数不同,同一性状在不同生态区种群中的多样性也不同;经聚类分析,南方大豆核心种质 7 个生态区域种群可划分为 3 组;随着纬度的升高,不同来源地大豆种质平均单位面积产量呈先增加后降低的趋势;筛选到大豆优异种质 12 份,并提出了其在生产和育种上的应用前景。

关键词:大豆;核心种质;多样性;主成分分析;聚类分析

中图分类号:S565.1

文献标识码:A

文章编号:1000-9841(2010)04-0580-06

Evaluation on Main Agronomic and Yield Characters of Soybean Core Collections in Southern China

WANG Rui-zhen¹, ZHAO Chao-sen¹, CHENG Chun-ming¹, QIU Li-juan², LIU Zhang-xiong², ZHAO Xian-wei¹

(1. Institute of Crop Sciences, Jiangxi Academy of Agricultural Sciences, Nanchang 330200, Jiangxi; 2. Institute of Crop Sciences, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081, China)

Abstract: Morphological diversity of soybean core collections in southern China were analyzed using 15 main agronomic and yield characters. The results showed that the coefficient variance were higher than 30% for pod height at bottom, plant height and effective branch number, while was higher than 20% for seed number per plant, pod number per plant, 100-seed weight, seed weight per plant and yield per unit area. Principal component analysis indicated that the first five components accounted for 88.432% of total variation, and the variation of growth period characters were main factors that arousing difference for other quantity characters. Diversity index varied with characters, and the same character also showed distinction in different ecological region populations. Clustering analysis showed that soybean core collections from seven ecological regions was clustered into three groups. With the increase of latitude, the mean yield per unit area showed increasing and then decreasing trend. Twelve excellent soybean germplasm were selected from 150 accessions, and their utilization in breeding programs were prospected.

Key words: Soybean; Core collection; Diversity; Principal component analysis; Clustering analysis

我国是世界上大豆资源收集保存数量最多的国家,仅原产我国的栽培大豆和一年生野生大豆就有 30 000 余份。我国虽然具有丰富的大豆资源,但如何高效发掘其优异基因并进行利用是亟需解决的问题。核心种质(core collection)^[1-2]的提出为解决这一问题提供了新的思路。我国大豆品种资源的核心种质构建及研究始于 1998 年,经过近 10 a 的努力,已成功地实现了大豆核心种质从构建理论向应用研究、从表型多样性评价向基因多样性鉴定的转变^[3-4]。为了适应新形势下我国对大豆新品种的需求,应该加速大豆资源评价并促进其利用,因此,南方大豆核心种质的构建和研究,也就成为我国大豆核心种质构建和理论、应用研究的重要组成部分。我国南方自然地理、气候资源及轮作复种制度复杂多样,形成了 8 000 余份丰富多样的大豆地方品种资源。在长期的栽培驯化过程中,这些地方

品种资源演化并形成了丰富的遗传变异和优异种质。许多学者对南方大豆种质资源进行了表型描述或基因多样性分析评价。如盖钧镒等^[5]研究了我国南方大豆地方品种群体特点、发掘其中的特异种质并分析其遗传基础;费贵华等^[6]分析了华南 4 省区大豆地方品种群体的遗传特点;王丽侠等^[7]报道了长江春大豆核心种质构建及分析情况;周蓉^[8]等对湖北省大豆种质资源进行了遗传多样性分析。大豆育种家们围绕高产、优质、多抗、广适应的育种目标,从中选育出一批适应南方地区栽培种植大豆新品种^[9-10]。然而,大豆资源在新品种培育中的利用率仅为 1% 左右,导致大豆育成品种的遗传基础趋于狭窄^[11]。在前人“大豆核心种质构建”研究的基础上,以我国南方大豆核心种质为研究材料,重点分析其主要农艺及产量性状表型的遗传变异、遗传多样性以及产量与地理的关系,为南方大豆核心

收稿日期:2010-03-23

基金项目:农业部作物种质资源保护与利用资助项目(NB08-2130135-(25-30)-06)。

第一作者简介:王瑞珍(1958-),女,副研究员,研究方向为大豆遗传育种与栽培。E-mail: dadouzu@163.com。

种质评价和利用提供参考。

1 材料与方法

1.1 供试材料

我国“大豆核心种质”群体中的南方大豆核心种质 150 份。其中,来自广东的有 18 份、广西 12 份、云南 5 份、贵州 7 份、四川 22 份、湖南 7 份、湖北 31 份、浙江 4 份、江苏 22 份、福建 11 份及江西 11 份。另外,以 9 份陕西大豆及 4 份日本大豆为对照。163 份大豆品种均由中国农业科学院作物科学研究所提供。

1.2 试验方法

试验于 2008 ~ 2009 年在江西省农业科学院作物研究所试验农场进行。各品种按生育期排序,3 次重复,5 行区,行长 2 m,行距 40 cm,株距 15 cm。分别于 2008 年 7 月 30 日及 2009 年 7 月 23 日播种。在大豆生育期间,分别调查各品种的出苗至开花天数(X1)、出苗至结荚天数(X2)、出苗至鼓粒天数(X3)、出苗至成熟天数(X4);各品种成熟时取中间行 10 个连续单株考种,测定其平均株高(X5)、有效分枝数(X6)、主茎节数(X7)、茎粗(X8)、底荚高度(X9)、单株荚数(X10)、单株粒数(X11)、每荚粒数(X12)、百粒重(X13)、单株粒重(X14);各品种小区收获计产并折合单位面积产量(X15)。各个性状的调查测定标准参考文献[12]。

1.3 数据分析

数据经 Excel 2003 整理后,应用 SPSS V13.0 计算性状平均表现及变异系数,并进行主成分分析;根据盖钧镒等^[13]提出的“中国大豆品种生态区域划分的意见和依据”,将 150 份南方大豆核心种质进行品种生态区域归属,大概分为 6 类,依次为:江浙(江苏与浙江)、鄂(湖北)、川(四川)、云贵(云南与贵州)、湘赣闽(湖南、江西与福建)、粤桂(广东与广

西),其中,陕西与日本大豆作对照(陕日),然后对 15 个性状采用级段分类成 5 个类型,计算每个类型所在品种生态区域及总群体中所占的百分率,采用 Shannon 指数估算性状多样性($H' = - \sum_{i=1}^s Pi \ln Pi$,其中 s 指种群中的类型数, i 指某一种群中的第 i 个类型, Pi 指第 i 个类型在种群中所占的百分率)^[14];利用 DPS V7.05 对性状多样性指数进行标准化后,采用欧氏距离、类平均法(UPGMA)对南方大豆核心种质按品种生态区域进行聚类分析,以阐述它们之间的生态相似性。

2 结果与分析

2.1 性状的平均表现及变异系数分析

150 份南方大豆核心种质的 15 个主要农艺及产量性状存在丰富的遗传变异(表 1)。其中,变异系数最大的性状为底荚高度,平均值为 3.2 cm,变异系数高达 60.1%,变幅为 0.2 ~ 8.0 cm。其次为单株粒数,变异系数为 36.6%,平均值为 84.4 粒,变幅为 39.4 ~ 241.3 粒。变异系数最小的性状是出苗至成熟天数,平均值为 88 d,变异系数为 11.9%,变幅为 69 ~ 116 d。

各性状的变异系数从大到小依次为:底荚高度 > 单株粒数 > 株高 > 单株荚数 > 有效分枝数 > 百粒重 > 单株粒重 > 单位面积产量 > 主茎节数 > 出苗至开花天数 > 出苗至结荚天数 > 出苗至鼓粒天数 > 茎粗 > 每荚粒数 > 出苗至成熟天数。可见,南方大豆核心种质的底荚高度、株高、有效分枝数这 3 个主要农艺性状变异丰富,变异系数均在 30% 以上;单株粒数、单株荚数、百粒重、单株粒重、单位面积产量这 5 个产量及相关性状的遗传变异中等,变异系数均在 20% 以上;每荚粒数、茎粗及出苗至成熟天数等农艺及生育性状的遗传变异均较小。

表 1 南方大豆核心种质主要农艺及产量性状的平均表现及变异系数

Table 1 Mean value and CV of main agronomic and yield characters for soybean core collection in South China

性状编号 Trait code	最大值 Max	最小值 Min	平均值 Mean	极差 Range	标准差 Std Dev	变异系数 CV / %
X1	47.0	25.0	34.0	22.0	4.71	13.90
X2	61.0	33.0	43.0	28.0	5.88	13.65
X3	81.0	38.0	52.0	43.0	6.76	13.07
X4	116.0	69.0	88.0	47.0	10.44	11.90
X5	97.9	18.1	46.2	79.8	16.14	34.91
X6	5.4	1.0	2.7	4.3	0.82	30.13
X7	20.3	8.4	13.0	11.9	2.22	17.04
X8	6.3	3.0	4.8	3.4	0.62	13.05
X9	8.0	0.2	3.2	7.8	1.92	60.10
X10	107.5	19.8	48.5	87.7	16.01	32.99
X11	241.3	39.4	84.4	202.0	30.87	36.60
X12	2.7	1.1	1.7	1.5	0.23	13.05
X13	29.0	6.0	15.6	23.0	4.31	27.59
X14	20.4	5.3	11.7	15.0	3.08	26.33
X15	2758.5	826.5	1623.0	1932.0	24.55	22.69

X1, 出苗至开花天数; X2, 出苗至结荚天数; X3, 出苗至鼓粒天数; X4, 出苗至成熟天数; X5, 株高; X6, 有效分枝数; X7, 主茎节数; X8, 茎粗; X9, 底荚高度; X10, 单株荚数; X11, 单株粒数; X12, 每荚粒数; X13, 百粒重; X14, 单株粒重; X15, 单位面积产量; 下同。

X1, dates from emergence date to flowering; X2, dates from emergence to podding; X3, dates from emergence to seedfilling; X4, dates from emergence to maturity; X5, plant height; X6, effective branch number; X7, number of nodes on main stem; X8, stem diameter; X9, height of lowest pod; X10, pod number per plant; X11, seed number per plant; X12, seed number per pod; X13, 100-seed weight; X14, seed weight per plant; X15, yield per unit area. Same as below.

2.2 主成分分析

对南方大豆核心种质的 15 个主要农艺及产量性状的表型平均值进行了主成分分析 (PCA), 以明确各个性状对南方大豆核心种质数量性状差异的影响程度。结果表明 (表 2、3), 在 15 个主成分当中, 第 1~5 个主成分的累计贡献率达 88.43%, 因此它们反映了原始变量的大部分信息。其中第 1 主成分占 49.555%, 对它作用较大的性状包括出苗至结荚天数 (0.117)、出苗至鼓粒天数 (0.117)、出苗至开花天数 (0.115)、单株荚数 (0.111)、株高 (0.110)、主茎节数 (0.109) 和出苗至成熟天数 (0.109); 第 2 主成分占 17.36%, 对它作用较大的性状依次为百粒重 (0.340)、底荚高度 (0.248)、单位面积产量 (0.207)、单株粒重 (0.195) 和茎粗 (0.174); 第 3 主成分占 9.15%, 对它作用较大的性状分别是每荚粒数 (0.606)、单株粒数 (0.293)、单位面积产量 (0.277) 和出苗至成熟天数 (-0.235); 第 4 主成分占 6.817%, 对它作用较大的性状分别是每荚粒数 (0.458)、出苗至结荚天数 (0.362)、出苗至开花天数 (0.351) 和主茎节数 (-0.398); 第 5 主成分占 6.817%, 对它作用较大的性状分别是底荚高度 (0.835)、出苗至成熟天数 (-0.347)、百粒重 (-0.340) 和单位面积产量 (-0.286)。根据南方大豆核心种质前 3 个主成分所做的三维空间构象, 15 个性状被分成了 4 大类型。其中, 出苗至结荚天数、出苗至鼓粒天数、出苗至开花天数及出苗至成熟天数 4 个性状为第 1 类, 为生育期结构性状; 株高、有效分枝数、主茎节数、茎粗、单株荚数为第 2 类, 为主要农艺性状; 单株粒数、百粒重、单株粒重、单位面积产量、底荚高度为第 3 类, 为产量及相关性状; 每荚粒数为第 4 类 (图 1)。

可见, 南方大豆核心种质数量性状的差异, 首先是由生育期结构性状引起的 (出苗至结荚天数、出苗至鼓粒天数、出苗至开花天数及出苗至成熟天数); 其次是底荚高度、株高、主茎节数、等主要农艺性状; 最后是单株荚数、每荚粒数、百粒重、单位面积产量等产量及其相关性状。

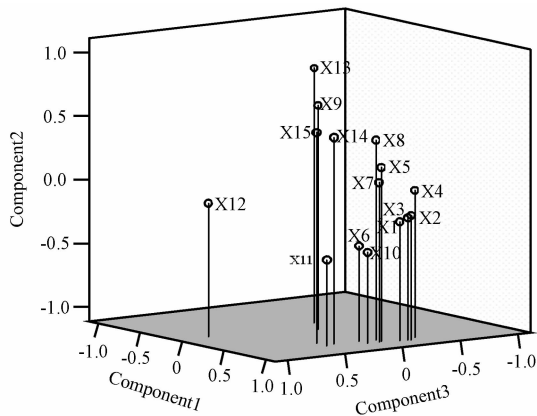
表 2 南方大豆核心种质特征向量和贡献率
Table 2 Eigenvalue and contributive percentage of principal components for soybean core collections in South China

成分 Component	特征值 Eigenvalues	方差变异 贡献率 Contributive percentage of variance/%	累计贡 献率 Cumulative contributive percentage of variance /%
1	7.433	49.555	49.555
2	2.604	17.360	66.914
3	1.373	9.150	76.064
4	1.023	6.817	82.882
5	0.833	5.551	88.432
6	0.456	3.037	91.469
7	0.409	2.724	94.193
8	0.269	1.795	95.988
9	0.220	1.469	97.458
10	0.126	0.837	98.295
11	0.085	0.564	98.859
12	0.075	0.499	99.358
13	0.054	0.361	99.719
14	0.024	0.162	99.881
15	0.018	0.119	100.000

表 3 15 个性状对前 5 个主成分的负荷值

Table 3 Scores coefficient matrix of five forward components loading by fifteen characters

性状编号 Trait code	主成分 Principal component				
	1	2	3	4	5
X1	0.115	-0.070	-0.115	0.351	0.072
X2	0.117	-0.052	-0.179	0.362	0.013
X3	0.117	-0.059	-0.159	0.327	-0.072
X4	0.109	0.016	-0.235	0.121	-0.347
X5	0.110	0.097	-0.018	-0.289	0.171
X6	0.095	-0.141	0.062	-0.180	0.057
X7	0.109	0.052	-0.008	-0.398	0.203
X8	0.098	0.174	-0.034	0.089	0.136
X9	0.015	0.248	0.009	0.173	0.835
X10	0.111	-0.153	0.073	-0.230	0.045
X11	0.102	-0.167	0.293	-0.055	0.030
X12	-0.009	-0.025	0.606	0.458	0.020
X13	-0.019	0.340	-0.102	0.087	-0.340
X14	0.096	0.195	0.226	-0.090	-0.282
X15	0.081	0.207	0.277	-0.092	-0.286



图中数字编号为性状编号,同表 1。

Number means character code, they are same as Table 1.

图 1 根据南方大豆核心种质前 3 个主成分得分所做的三维空间构象

Fig. 1 Tri-dimensional plot of PCA of soybean core collections in South China

表 4 15 个主要农艺及产量性状在性状及地理上的多样性指数

Table 4 Diversity index of main agricultural and yield characters

性状编号 Trait code	江浙 Jiang-Zhe	鄂 Er	川 Chuan	云贵 Yun-Gui	湘赣闽 Xiang-Gan-Min	粤桂 Yue-Gui	陕日 Shan-Japan	合计 Total
X1	0.733	0.933	1.313	1.127	1.253	1.370	0.859	1.280
X2	0.733	0.874	1.367	1.237	1.423	1.320	0.898	1.313
X3	0.666	0.627	1.111	0.960	1.171	1.213	0.790	1.114
X4	0.929	0.918	1.504	1.119	1.426	0.988	0.937	1.308
X5	1.162	1.034	1.273	0.824	1.270	1.355	0.666	1.334
X6	1.209	1.259	1.401	0.918	1.348	1.325	0.925	1.342
X7	1.170	0.933	1.038	1.144	1.177	1.266	0.859	1.293
X8	1.244	1.018	1.286	1.028	1.258	1.411	1.266	1.398
X9	1.303	1.430	1.398	1.199	1.540	1.294	0.898	1.484
X10	1.100	1.195	1.286	1.011	1.146	1.178	0.984	1.249
X11	0.908	0.923	1.241	0.888	1.008	0.991	0.898	1.053
X12	0.823	1.081	0.967	1.075	1.281	1.106	0.687	1.143
X13	1.119	1.094	0.792	0.824	1.307	0.840	1.205	1.177
X14	1.538	1.179	1.322	1.286	1.439	1.385	0.898	1.466
X15	1.251	1.122	0.979	1.199	1.393	1.214	0.859	1.323
平均 Mean	1.059	1.041	1.219	1.056	1.296	1.217	0.909	1.285

别为:陕日生态区域种群;江浙、鄂和云贵生态区域种群;湘赣闽、粤桂和川生态区域种群。陕日生态区域的大豆核心种质为对照组以代表北方大豆,具有北方大豆的品种特性,在江西南昌地区秋播表现早熟,植株矮小,产量低,在聚类时因其与其它生态区域核心种质的遗传距离较远,单独聚成一组。江浙、鄂生态区域的大豆核心种质含有长江流域中下游的大豆品种的种性,在江西南昌秋播生育期正常,植株中等高度,产量中等;而云贵生态区域的核

2.3 性状的多样性指数

不同性状的多样性指数不同(表 4)。其中,底荚高度的多样性最高,多样性指数达 1.484,其次是单株粒重(1.466),再次是茎粗(1.398),最低的是单株粒数(1.053)。同一性状在不同生态区种群中的多样性不同。以底荚高度为例,性状的多样性指数由高到低依次为:湘赣闽 > 鄂 > 川 > 江浙 > 粤桂 > 云贵 > 陕日;其中,来自湘赣闽生态区的种质的多样性最高(1.54),而陕日生态区的种质的多样性最差(0.898)。可见,南方大豆核心种质的 15 个主要农艺及产量性状的多样性较为丰富。

2.4 品种生态区域的聚类分析

根据 15 个主要农艺及产量性状的多样性指数,对南方大豆核心种质生态区域种群进行聚类分析,结果如图 2 所示。在距离系数 4.78 处,可将大豆核心种质 7 个不同生态区域种群划分为 3 组,分

心种质,在江西南昌秋播也有这种表现,因此,这 3 个生态区域的核心种质聚成一组。湘赣闽及粤桂生态区域,是南方大豆的多作耕种区域,包含有春、夏和秋大豆类型,而四川盆地也有春、夏大豆类型,因此,这 3 个生态区域的大豆种质聚成一组。从聚类分析结果看,南方大豆核心种质的品种特性与其生态区域适应性是吻合的。

2.5 产量与地理纬度的关系

根据南方大豆核心种质的地理来源分类,求其

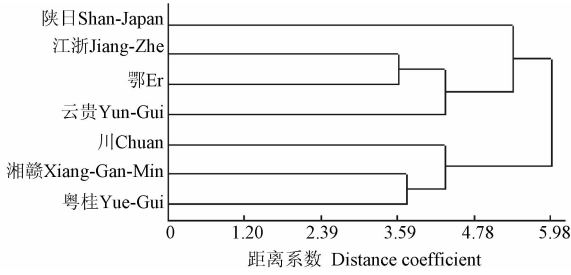
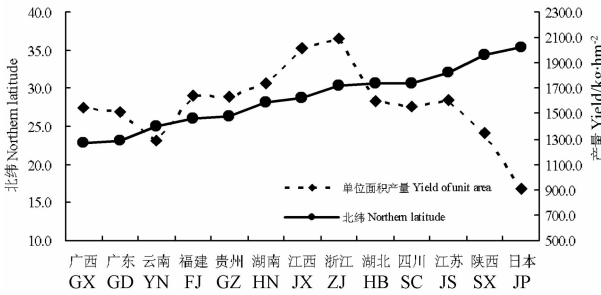


图2 南方大豆核心种质生态区域种群的遗传聚类图

Fig.2 Dendrogram of soybean core collection in South China



GX: Guangxi; GD: Guangdong; FJ: Fujian; GZ: Guizhou; HN: Hainan; JX: Jiangxi; ZJ: Zhejiang; HB: Hubei; SC: Sichuan; JS: Jiangsu; SX: Shaanxi; JP: Japan.

图3 南方大豆核心种质平均单位面积产量与地理纬度的关系

Fig.3 Relationship of geography latitude and mean yield of unit area for soybean core collection in south China

平均单位面积产量,以探讨大豆种质单位面积产量与地理纬度的关系,结果见图3。随着纬度由南向北升高,不同来源的大豆种质平均单位面积产量,先由低逐渐增加到最高后又逐渐下降。其中,来源于江西、湖南和浙江的大豆种质平均单位面积产量较高,而其它来源地的大豆种质较低。江西及其周边省份(如湖南、浙江和湖北)大豆种质,其单位面积产量在江西南昌的平均表现比其它来源地的大豆种质高。这进一步反映了南方大豆核心种质的产量表现,在地区间的分布是不平衡的。

2.6 鉴定筛选出的大豆优异种质

从163份大豆核心种质中鉴定筛选出12份大豆优异种质(表5)。其中,高产大豆7份,分别为粗豆、瑞金青皮豆、赣豆5号、沙心豆、新余大粒青、早熟毛蓬青及桂夏1号,平均单位面积产量均在2400 kg·hm⁻²以上,这些大豆品种可作为高产大豆新品种选育的骨干亲本;锦秋、新余大粒青及沙县青豆3份大豆品种的百粒重分别为35.1、29.0、28.0 g,是大粒大豆新品种选育的优异材料;长沙泥豆、沙县乌豆及矮生泥豆①3份大豆品种的单株荚数分别为107.5、103.7、95.3个,单株粒数分别为241.3、139.7、240.8粒,荚多粒多,种子百粒重较小,可作豆芽菜特色大豆品种应用,在育种上也是增加大豆单株荚数的优异材料。

表5 12份大豆优异种质

Table 5 Twelve soybean varieties that having excellent characters

品种名称 Name of variety	来源 Origin	X4	X5	X10	X11	X12	X13	X14	X15	综合表现 Representation
粗豆 Zudou	浙江 Zhejiang	97	76.0	53.4	79.4	1.48	26.6	20.4	183.9	高产、抗SMV
瑞金青皮豆 Ruijingqingpidou	江西 Jiangxi	102	72.7	55.1	96.8	1.78	21.8	19.9	175.7	高产、抗SMV
赣豆5号 Gandou No.5	江西 Jiangxi	96	60.6	42.4	78.8	1.69	24.5	19.3	174.9	高产、抗SMV
沙心豆 Shaxindou	江西 Jiangxi	102	73.2	59.7	89.6	1.65	21.4	19.1	169.4	高产
新余大粒青 Xinyudaliquing	江西 Jiangxi	102	56.0	39.2	62.5	1.61	29.0	18.3	169.1	高产、粒大
早熟毛蓬青 Zaoshumaopengqing	浙江 Zhejiang	89	56.1	44.4	81.3	1.81	22.4	17.7	168.8	高产、早熟
桂夏1号 Guixia No.1	广西 Guangxi	99	56.5	55.6	106.4	1.92	18.1	17.6	163.0	高产
锦秋 Qinqiu	日本 Japen	86	23.5	16.6	27.0	1.63	35.1	9.6	69.9	粒大
沙县青豆 Shaxianqingdou	福建 Fujian	104	73.4	40.7	66.0	1.61	28.0	16.7	141.4	粒大
长沙泥豆 Changshanidou	湖南 Hunan	108	62.4	107.5	241.3	2.06	7.0	15.6	124.8	荚多、粒多
沙县乌豆 Shaxianwudou	福建 Fujian	116	86.9	103.7	139.7	1.38	13.2	15.1	116.7	荚多、粒多
矮生泥豆① Aishengnidou ①	湖南 Hunan	105	64.0	95.3	240.8	2.58	6.0	13.1	103.6	荚多、粒多

3 讨论

我国大豆品种资源多样性的评价,主要是从表型多样性及基因多样性评价2个方面进行,而表型多样性评价是基因多样性评价的基础和重要补

充^[3-4,7,15]。性状的表型频率方差、遗传多样性指数、表型方差、变异系数等检测指标是评价核心种质表型多样性的有效参数^[16-17]。盖钧镒^[5]、费贵华^[6]等研究我国南方及华南4省区大豆地方群体时,发现南方大豆的百粒重、产量变幅较大,遗传变异系数

在 30% 以上,株高、主茎节数、每株荚数的变异系数在 20% 以上,而每荚粒数的遗传参数很小,产量水平低。该研究通过对南方大豆核心种质性状表型平均值、变异系数、多样性指数分析,发现南方大豆核心种质表型多样性十分丰富。其中,底荚高度、株高、有效分枝数的变异系数均在 30% 以上,单株粒数、单株荚数、百粒重、单株粒重、单位面积产量的变异系数均在 20% 以上,每荚粒数少、变异度也小,产量低且地区间不平衡。南方大豆核心种质这一结果与盖钧镒、费贵华等研究我国南方及华南地区大豆地方品种群体所取得结果十分相似。可见,150 份南方大豆核心种质的遗传资源能够代表我国南方大豆品种资源的大部分遗传信息。

主成分分析表明,生育性状是引起南方大豆核心种质性状多样性变异的主要因素,最终反映在主要农艺及产量性状上的差异。聚类分析结果表明,南方大豆核心种质的品种特性与其生态区域适应性十分吻合;南方大豆核心种质的平均产量,随着纬度的升高先逐渐升高后又逐渐下降,这一关系有利于指导大豆品种资源的引种与利用。南方大豆高产育种过程中,应充分挖掘该地区的大豆高产资源,通过引进外来优异基因资源,以改良当地高产品种的抗病虫性及抗倒伏、耐旱性等抗逆性。从南方大豆核心种质中筛选出的 12 份优异种质资源为选育适合南方地区种植的大豆高产优良新品种提供了优异的亲本。

参考文献

- [1] Brown A H D. Core collections: A practical approach to genetic resources management [J]. *Genome*, 1989, 31: 818-824.
- [2] Frankel O H, Brown A H D. Current plant genetic resources a critical appraisal in genetics [M]. New Frontiers, New Delhi, India: Oxfo and IBH Publishing, 1984.
- [3] 邱丽娟,曹永生,常汝镇,等. 中国大豆 (*Glycine max*) 核心种质构建 I. 取样方法研究 [J]. *中国农业科学*, 2003, 36(12): 1442-1449. (Qiu L J, Cao Y S, Chang R Z, et al. Establishment of Chinese soybean (*G. max*) core collection I. Sampling strategy [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2003, 36(12): 1442-1449.)
- [4] 邱丽娟,李英慧,关荣霞,等. 大豆核心种质和微核心种质的构建、验证与研究进展 [J]. *作物学报*, 2009, 35(4): 571-579. (Qiu L J, Li Y H, Guan R X, et al. Establishment, representative testing and research progress of soybean core collection and mini core collection [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2009, 35(4): 571-579.)
- [5] 盖钧镒,崔章林. 我国南方大豆地方品种群体特点和特异种质的发掘与遗传基础研究 [J]. *中国农学通报*, 1993, 9(2): 1-5. (Gai J Y, Cui Z L. Studies on the properties of soybean landrace population from Southern China and on the germplasm with specific target traits and their genetic background [J]. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 1993, 9(2): 1-5.)
- [6] 费贵华,盖钧镒,马育华. 华南四省区大豆地方品种群体遗传特点的研究 [J]. *南京农业大学学报*, 1994, 17(2): 1-6. (Fei G H, Gai J Y, Ma Y H. Study on genetin peculiarity of soybean landrace population from four provinces in Southern China [J]. *Journal of Nanjing Agricultural University*, 1994, 17(2): 1-6.)
- [7] 王丽侠,李英慧,李伟,等. 长江春大豆核心种质构建及分析 [J]. *生物多样性*, 2004, 12(6): 578-585. (Wang L X, Li Y H, Li Wei, et al. Establishment of a core collection of Changjiang spring sowing soybean [J]. *Biodiversity Science*, 2004, 12(6): 578-585.)
- [8] 周蓉,张小娟,王贤智,等. 湖北省大豆种质资源的遗传多样性分析 [J]. *大豆科学*, 2006, 25(3): 212-217. (Zhou R, Zhang X J, Wang X Z, et al. Genetic diversity of soybean germplasm from Hubei Province in China by SSR [J]. *Soybean Science*, 2006, 25(3): 212-217.)
- [9] 胡明祥,田佩占. 中国大豆品种志 (1978-1992) [M]. 北京: 农业出版社, 1993. (Hu M X, Tian P Z. Records of Chinese soybean cultivars (1978-1992) [M]. Beijing: Agricultural Press, 1993.)
- [10] 邱丽娟,王曙明. 中国大豆品种志 (1993-2004) [M]. 北京: 中国农业出版社, 2007. (Qiu L J, Wang S M. Records of Chinese soybean cultivars (1993-2004) [M]. Beijing: Chinese Agricultural Press, 2007.)
- [11] 崔章林,盖钧镒,Thomas E. Carter,等. 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. (Cui Z L, Gai J Y, Thomas E C, et al. The released chinese soybean cultivars and their pedigree analyses in 1923-1995 [M]. Beijing: Chinese Agricultural Press, 1998.)
- [12] 邱丽娟,常汝镇. 大豆种质资源描述规范和数据标准 [M]. 北京: 中国农业出版社出版, 2006. (Qiu L J, Chang R Z. Descriptors and data standard for soybean (*Glycine spp.*) [M]. Beijing: Agricultural Press, 2006.)
- [13] 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. (Gai J Y, Wang Y S. A Study on the varietal eco-regions of soybeans in China [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2001, 34(2): 139-145.)
- [14] 唐启义,冯明光. 实用统计分析及其计算机处理平台 [M]. 北京: 中国农业出版社, 1997: 119-120. (Tang Q Y, Feng M G. Practical statistics and DPS data processing system [M]. Beijing: China Agriculture Press, 1997: 119-120.)
- [15] 崔艳华,邱丽娟,常汝镇,等. 黄淮夏大豆 (*G. max*) 初选核心种质代表性检测 [J]. *作物学报*, 2004, 30(3): 284-288. (Cui Y H, Qiu L J, Chang R Z, et al. Representative test for primary core collection of summer sowing soybeans in Huanghuai Region of China [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2004, 12(6): 578-585.)
- [16] 李白超,张洪亮,孙传清,等. 植物遗传资源核心种质研究现状与展望 [J]. *中国农业大学学报*, 1999, 4(5): 51-62. (Li Z C, Zhang H L, Sun C Q, et al. Status and prospects of core collection in plant germplasm resource [J]. *Journal of China Agricultural University*, 1999, 4(5): 51-62.)
- [17] 张洪亮,李白超,曹永生,等. 表型水平上检验水稻核心种质的参数比较 [J]. *作物学报*, 2003, 29(2): 252-257. (Zhang H L, Li Z C, Cao R S, et al. Comparison of parameters for testing the rice core collection in phenotype [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2003, 29(2): 252-257.)