

江西野生大豆遗传多样性分析

程春明^{1,2}, 杨存义¹, 马启彬¹, 年海¹

(¹华南农业大学农学院, 广州 510642; ²江西省农业科学院作物研究所, 南昌 330200)

摘要:利用 48 对 SSR 引物分析了 192 份采集于江西 49 个县(区)的野生大豆遗传多样性。结果表明, 共扩增出等位基因 343 个, 平均每对引物扩增出 7.2 个等位基因, 平均基因遗传多样性指数 0.7369, 平均多态性信息含量(PIC) 0.7060, 表明江西野生大豆具有较为丰富的遗传多样性。不同纬度和不同海拔的野生大豆其遗传多样性不同, 高纬度及低海拔地区野生大豆遗传多样性要高。192 份野生大豆可聚类成 3 大类, 聚类结果与地理来源较为一致。

关键词:野生大豆; 遗传多样性; SSR

Genetic Diversity Analysis of Wild Soybean Resources in Jiangxi

CHENG Chun-ming^{1,2}, YANG Cun-yi¹, MA Qi-bin¹, NIAN Hai¹

(¹College of Agriculture, South China Agricultural University, Guangzhou 510642;

²Institute of Crop, Jiangxi Academy of Agricultural Sciences, Nanchang 330200)

Abstract: Using 80 SSR markers, 192 wild soybean genotypes from Jiangxi province in China, were analyzed for genetic diversity. The results showed that total 343 alleles were identified, with 7.2 of the average of alleles per locus. The average genetic diversity index was 0.7369. The average polymorphism information content(PIC) was 0.7060. All these results indicated the abundance of genetic diversity among these genotypes. At the same time, genetic diversity were analyzed for genotypes from different latitude and altitude, which of circumpolar latitude and low altitude were higher. All the 192 wild soybean genotypes for molecular clustering could be clustered into 3 categories. It was found that the genetic distance was approximately consistent with the origin of the wild soybean genotypes.

Key words: Wild soybean; Genetic diversity; SSR

大豆(*Glycine max*(L.) Merr.)是重要的粮食和油料作物。我国大豆单产水平偏低,近 10 年大豆平均产量徘徊在 1650 kg/hm²左右,原因之一是大豆育种遗传基础较为狭窄^[1]。野生大豆(*Glycine soja* Sieb. et Zucc.)是栽培大豆的原始祖先种,具有品质性状特异,多荚、多分枝、长花序、高蛋白、抗病虫、耐逆境,将对拓宽大豆育种遗传基础、创造新资源及选育大豆新品种起到不可估量的作用^[2]。

野生大豆在世界上分布范围狭窄,一年生野生大豆主要分布在东亚的中国、日本、朝鲜、韩国、俄罗斯远东地区,在我国各地分布广泛,除青海、新疆及海南 3 省(自治区)外,其他省区均有分布^[3]。遗传多样性是指种内个体之间或一个群体内不同个体之间的遗传变异^[4],作为生物多样性的重要组成部分

分,是生态系统多样性和物种多样性的基础,是维持物种长期生存的基础。研究生物遗传多样性可以了解种群的适应性、物种起源、基因资源分布等,从而为保护重要的遗传资源提供依据^[5]。我国很多学者从不同角度,采取了不同方法开展了不同范围内野生大豆遗传多样性研究,为研究、保护和利用野生大豆提供了科学依据^[6-14]。本研究基于 SSR 分子标记,开展了江西省 192 份野生大豆遗传多样性研究,为研究、保护和利用江西野生大豆提供重要参考信息。

1 材料与方法

1.1 试验材料

来自分布于江西 49 个县(区)共 192 份野生大豆种质资源,南北分布范围在 25°14'N ~ 29°43'N,

收稿日期:2010-08-11 修回日期:2011-07-19

基金项目:国家自然科学基金(30771364)

作者简介:程春明,副研究员,博士,从事大豆遗传与育种。E-mail:ccmccmcc@126.com

通讯作者:年海,教授,博导。E-mail:hnian@scau.edu.cn

最北在湖口县,最南在安远县,南北横跨 4 个纬度之多。东西分布范围在 $114^{\circ}23'E \sim 118^{\circ}14'E$,最东在玉山县,最西在铜鼓县,东西跨度也近 4 个经度。海拔分布在 6 ~ 281m 之间。具有较为广泛的地域来源代表性^[15]。

1.2 试验方法

大豆叶片基因组 DNA 的提取采用 SDS 方法^[5]。选用的 48 对 SSR 引物序列来自 SoyBase 网站 (<http://soybase.org>),引物筛选的原则是覆盖大豆的 20 个连锁群(表 1),在绝大多数种质中能扩增出片断,最好为单一拷贝,各扩增片断稳定,大小易于分辨。PCR 反应体系为 20 μ l,包括 2 μ l 10 × Buffer (含 Mg^{2+}),1U 的 *Taq* 酶,0.2 μ l 10mmol/L 的 dNTPs,1.0 μ l 2.5 μ mol/L 的引物,50ng 左右的基因组 DNA,双蒸水补足。SSR 反应程序为:94℃ 4min,94℃ 30s,52℃ 30s,72℃ 1min,30 个循环,72℃ 延伸 8min,4℃ 保存。PCR 扩增产物用 7% 变性聚丙烯酰胺凝胶电泳分离,银染技术检测,银染后的凝胶扫描保存。

1.3 数据统计及分析

电泳结果图片,先用 Photoshop7.0 软件对图片进行加工处理,转化成 TIFF 格式。然后利用带型定量分析软件 Quantity One 分析图片,定量分析获得各样品扩增片断的大小,并依据 SSR 重复单元大小进行人工矫正,确定等位变异数目及大小。读取片断大小后,输入 Excel 软件,创建位点等位变异矩阵。

应用 PowerMarker 软件^[16]进行遗传多样性一般统计量分析,获得等位基因数目、等位基因频率、杂合位点数、实际位点杂合度、基因多样性(期望核苷

酸杂合度)以及多态性信息含量(PIC)等值。

遗传距离测定及聚类分析:基因型遗传距离利用 Shared-Alleley 方法来计算遗传距离,整个计算过程由 PowerMarker 软件完成,首先利用 Compute frequency 计算位点的频率,然后基于所算出的频率利用 Frequency-based distance 计算基因型之间的遗传距离,再利用 Tree reconstruction 中 UPGMA 算法进行聚类分析,聚类分析图利用软件 Treeview 打开。

2 结果与分析

2.1 SSR 多态性位点分析

经 PowerMarker 软件分析后,其主要分析指标值列于表 1。从等位基因数目来看,48 对引物对 192 份野生大豆共扩增出等位基因 343 个,平均每对引物扩增出 7.2 个等位基因,等位基因数目变异范围为 4 ~ 14 个,最少的为 4 个等位基因,其引物为 Satt415,最高的多达 14 个等位基因,其引物为 Satt281(图 1 为引物 Satt281 电泳的部分结果),其余大部分标记的等位基因数在 7 个左右。从杂合位点数来看,192 份野生大豆共有 403 个,变异范围为 4 ~ 14 个,平均每对引物杂合位点数为 8.4 个,最少杂合位点和最多杂合位点与等位基因数目的引物相同。主要等位基因频率表示的是某位点在种群中的丰富程度,48 对引物主要等位基因频率大小相差较大,最大频率达到了 0.786,其引物为 Satt218,最小的主要等位基因频率只有 0.193,其引物为 Satt187,平均值为 0.384,大部分引物其主要等位基因频率在 0.2 ~ 0.5 之间。

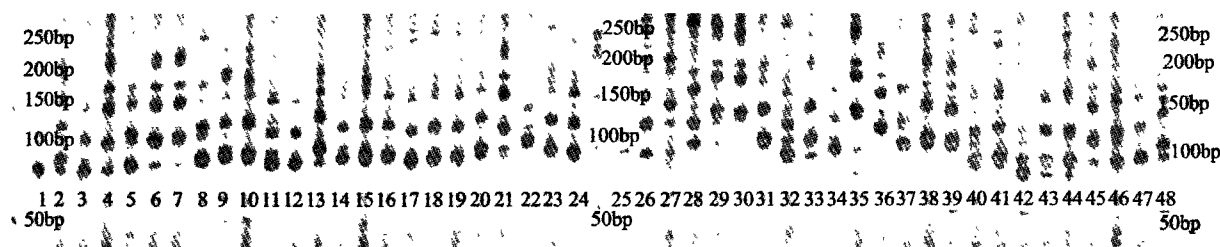


图 1 SSR 引物 Satt281 的部分电泳图谱

Fig.1 Fingerprinting of partial wild soybean genotypes based on SSR Satt281

1 ~ 48: JW1-JW48 基因型; the marker: 50bp 分子量标记

1 ~ 48: JW1-JW48 wild soybean genotypes, the marker: 50bp marker

2.2 遗传多样性分析

遗传多样性代表生物种群之内和种群之间遗传结构变异程度。基因多样性值和多样性信息含量(PIC)是常用表示种群的遗传多样性的指标(表 1)。本研究结果表明,基因多样性平均值较大,为 0.7369,各引物基因多样性值变异范围

不大,90% 的引物均在 0.6 ~ 0.9 之间,只有少数引物在 0.7 以下,其中引物 Satt218 基因多样性值只有 0.3591。PIC 值与基因多样性值呈现较为一致的表现,其平均值为 0.706,引物 PIC 值最小的也是 Satt218,其值为 0.331,最大的是 Satt281,其值为 0.842。

表 1 江西野生大豆遗传多样性

Table 1 Genetic diversity of the 192 wild soybean genotypes in Jiangxi

引物 Primer	连锁群 Linkage group	主要等位 基因频率 Major allele frequency	杂合 位点数 No. of all locus	等位基因 No. of allele	基因 多样性 Genediversity	实际位点 杂合度 Heterozygosity	多态性 信息含量 PIC
Satt382	A1	0.310	6	6	0.7922	0	0.762
Satt236	A1	0.292	7	7	0.7754	0	0.741
Satt300	A1	0.323	8	7	0.7929	0.005	0.764
Satt187	A2	0.193	9	9	0.8504	0	0.832
Satt429	A2	0.260	7	7	0.7913	0	0.759
Satt197	B1	0.250	9	6	0.7952	0.016	0.764
Satt415	B1	0.484	4	4	0.6394	0	0.574
Satt453	B1	0.406	7	7	0.7431	0.031	0.708
Satt168	B2	0.292	8	6	0.7518	0.010	0.709
Satt556	B2	0.333	11	9	0.7762	0.021	0.743
Satt577	B2	0.628	8	6	0.5687	0.010	0.538
Satt180	C1	0.620	4	4	0.5632	0	0.521
Satt161	C1	0.393	9	8	0.7634	0.005	0.734
Satt194	C1	0.323	10	8	0.7591	0.010	0.721
Satt281	C2	0.245	14	14	0.8573	0	0.842
Satt371	C2	0.240	8	7	0.8389	0.005	0.818
Satt408	D1a	0.250	13	8	0.8399	0.037	0.820
Satt184	D1a	0.529	8	7	0.6767	0.005	0.651
Satt005	D1b	0.380	8	8	0.7562	0	0.722
Satt002	D2	0.745	8	8	0.4282	0	0.409
Satt226	D2	0.396	9	7	0.7317	0.021	0.689
Sat_112	E	0.338	7	6	0.7450	0.005	0.703
Satt268	E	0.354	7	7	0.7702	0	0.737
Satt230	E	0.250	8	8	0.8192	0	0.795
Satt586	F	0.253	11	9	0.8486	0.021	0.831
Satt218	F	0.786	8	6	0.3591	0.016	0.331
Satt334	F	0.500	7	7	0.6803	0	0.643
Satt012	G	0.255	9	8	0.8390	0.005	0.819
Sat_214	H	0.453	6	6	0.7313	0	0.702
Satt279	H	0.302	9	9	0.7960	0	0.767
Satt239	I	0.292	8	6	0.7891	0.010	0.757
Satt049	I	0.563	6	6	0.6101	0	0.562
Satt414	J	0.287	8	8	0.8153	0	0.791
Sct_001	J	0.378	7	5	0.7152	0.010	0.664
Satt431	J	0.443	6	6	0.6735	0	0.618
Satt588	K	0.266	9	7	0.8317	0.010	0.810
Satt462	L	0.365	10	8	0.7946	0.016	0.772
Sat_099	L	0.432	6	6	0.7272	0	0.690
Satt373	L	0.339	9	8	0.7710	0.010	0.737
Satt590	M	0.297	11	8	0.8248	0.026	0.804
Satt463	M	0.531	7	6	0.6625	0.010	0.629
Satt346	M	0.359	9	9	0.7968	0	0.774
Satt387	N	0.365	7	6	0.7830	0.005	0.755
Satt339	N	0.203	10	9	0.8538	0.005	0.837
Satt530	N	0.297	7	6	0.8060	0.005	0.779
Satt259	O	0.729	5	5	0.4444	0	0.419
Satt345	O	0.625	9	7	0.5803	0.010	0.557
Satt243	O	0.279	12	8	0.8112	0.021	0.786
平均值 mean		0.384	8.4	7.2	0.7369	0.015	0.706

实际位点杂合度表示的是指群体中杂合个体所占的比例,从研究结果来看(表1),有20对引物杂合度为0,最大的杂合度值为0.037,但其平均值较小,只有0.015。表明由于野生大豆属自花授粉作物,其重组的机会相对较小,基因的纯合性相对较高。

2.3 不同地理分布野生大豆遗传多样性分析

根据192份野生大豆采集地GPS定位结果,所有材料按采集的纬度分类成5个不同纬度,对不同纬度遗传多样性进行了比较分析(表2)。从基因多样性和多态性信息含量(PIC)来看,纬度在28°N~29°N间采集的遗传多样性最大,基因多样性值和PIC值分别为0.7335和0.701;而26°N~27°N间的遗传多样性最小,其基因多样性值和PIC值分别为0.3808和0.327。可以看出,野生大豆高纬度地区的遗传多样性高于低纬度地区。但从种质资源分布数量来看,高纬度的地区其野生大豆数量也多,表明遗传多样性大可能与采集的数量有关。但从实际位点杂合度来看,低纬度地区的野生大豆要高于高纬度地区,表明可能低纬度地区野生大豆其杂合度要高。

表2 不同纬度遗传多样性比较

Table 2 The comparison of genetic diversity of wild soybean genotypes among different latitude

北纬(°) North latitude	种质资源数 No. of genotype	基因多样性 Gene diversity	实际位点杂合度 Heterozygosity	多态性信息含量 PIC
29~30	72	0.7202	0.012	0.687
28~29	92	0.7335	0.016	0.701
27~28	18	0.6554	0.026	0.610
26~27	5	0.3808	0.017	0.327
25~26	5	0.4650	0.025	0.405

同样根据192份野生大豆采集地GPS定位结果,将所有材料按采集的海拔分类成5个不同海拔高度,从基因多样性和多态性信息含量(PIC)来看(表3),海拔高度在50~100m的基因多样性最高,分别为0.7313和0.699,其次是海拔高度在0~50m采集的野生大豆遗传多样性较高,且随着海拔的升高,采集的野生大豆遗传多样性反而降低,如在海拔200m以上,其基因多样性值只有0.6378,表明分布在低海拔地区的野生大豆其遗传多样性要高于高海拔地区。但从海拔分布种质资源数量来看,同样可以看出,随着海拔的增加,野生大豆的数量逐渐减少,所以,其遗传多样性的降低,可能与种质资源数量分布较少也有一定的关系。同样,从实际位点杂

合度来看,低海拔地区的小于高海拔地区的,表明野生大豆在高海拔地区其突变的几率可能更高。

表3 不同海拔遗传多样性比较

Table 3 The comparison of genetic diversity of wild soybean genotypes among different altitude

海拔(m) Altitude	种质资源数 No. of genotype	基因多样性 Gene diversity	实际位点杂合度 Heterozygosity	多态性信息含量 PIC
0~50	66	0.7289	0.015	0.695
50~100	76	0.7313	0.014	0.699
100~150	23	0.6850	0.013	0.647
150~200	9	0.6408	0.030	0.594
>200	18	0.6378	0.021	0.596

2.4 所有材料聚类结果分析

对192份野生大豆作了UPGMA聚类分析,聚类结果将所有材料聚成了3大类,聚类情况与材料的地理来源基本表现出一致现象。第I大类和第III大类材料相对较少,第II大类材料相对较多,并可继续分成4小类。第I大类14份材料,即赣东北区采集的野生大豆,主要包括如景德镇、婺源、浮梁、德兴、乐平及广丰等山区县;第III大类18份材料,主要包括赣东北鹰潭、上饶、弋阳等县区采集的野生大豆;第II大类160份材料,又可分成4小类,第1小类(II-1)包括赣中鄱阳湖附近县区采集的42份野生大豆,如高安、上高、新建、安义、南昌、奉新、余干等鄱阳湖平原地区;第2小类(II-2)包括赣西北及赣南等部份山区采集的69份野生大豆,如武宁、修水、万载、铜鼓、安远、南城等县;第3小类(II-3)和第4小类(II-4)分别包括赣北偏东地区采集的28份和21份野生大豆,如九江、湖口、都昌等县。但各小类间存在着一些不同地理来源交叉聚类情况,如第2小类(II-2)和第3小类(II-3)中均包含了一些采集于赣东北如德兴和婺源的材料,同时也包含着一些鄱阳湖平原如南昌县采集的材料。表明江西野生大豆在长期的自然条件影响下,存在着一定程度的突变,不同地区野生大豆经过长期的演变,其基因型可能趋于相同的趋势。或者是因为自然界和人为等因素影响,不同地区野生大豆可能存在一定的相互传播和交流。

3 讨论

3.1 开展江西野生大豆遗传多样性研究重要性

一年生野生大豆是栽培大豆的祖先,在长期进化中群体积累了一些极其宝贵的遗传资源,这些资源

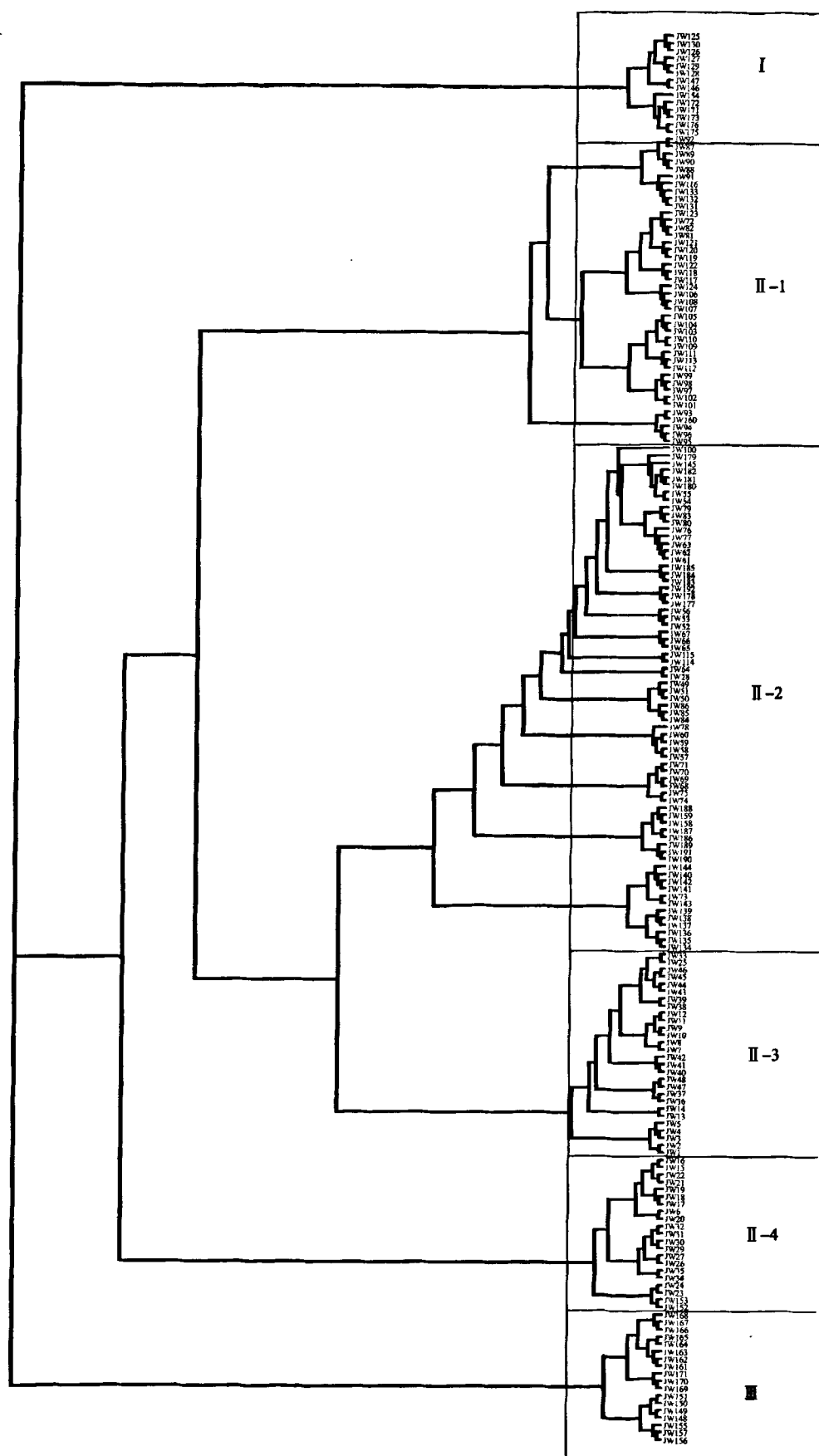


图 2 192 份野生大豆遗传距离聚类图

Fig. 2 The dendrogram tree of the 192 wild soybean genotypes in Jiangxi

的保护和利用是建立在野生大豆群体结构的认识基础上,根据种群的遗传多样性水平和结构制定合理的保护和利用策略。本研究利用的试验材料来源于亚热带的江西省,该地区雨热基本同季,光热水资源丰富,有利于各种喜温作物的生长,并且有多位学者研究证明江西省所在的南方可能是栽培大豆的起源中心^[17]。同时该地区土壤多属酸性红壤,低磷、高铝是酸性红壤的主要特征。另外本地区大豆的病毒病、根腐病及食叶性害虫也较为严重,这些均极大地影响了本地区大豆的生产。因此对本区域野生大豆遗传多样性进行比较系统地研究对于促进本地区大豆抗逆育种研究,同时对中国栽培大豆起源等方面研究均有一定推动作用。

本研究基于 SSR 分子标记,研究分析江西省 192 份野生大豆遗传多样性。从 SSR 位点多态性分析来看,48 对引物对 192 份野生大豆共扩增出等位基因 343 个,平均每对引物扩增出 7.2 个等位基因。赵青松^[5]利用 73 对引物分析湖南新田野生大豆遗传多样性,其平均等位基因只有 5.4 个。陈辉等^[11]利用 54 对引物研究 24 份安徽省新采集的野生大豆遗传多样性,平均每对引物扩增出 4.4 个等位基因。王果等^[13]利用 30 对 SSR 引物分析 49 份太原野生大豆遗传多样性,共扩增出 191 个等位基因,平均每对引物 6 个。与上述研究者的结果来看,江西省野生大豆具有较高的等位基因变异和遗传多样性。

植物的起源是资源研究的一个重要内容,遗传多样性是生物起源研究的一个最重要的直接证据。大豆的起源至今还没有一个统一的说法,原有一些研究表明,主要有东北起源中心学说^[18]、黄淮流域起源学说^[19]、南方起源学说^[20]、多中心起源学说^[21],以上各种学说主要依据考古学、文献记载、植物形态学、农艺性状、等位酶、细胞学、细胞质(叶绿体和线粒体)DNA 及核 DNA 等分子标记诸多研究基础上得出来,但证据的丰富程度不同,研究角度也不一样,得出的结论均有所差异^[17]。近年来,诸多学者利用分子标记对野生大豆及栽培大豆的遗传多样性进行了大量研究,进而对大豆的起源进化进行了探讨,多数研究均认为南方野生大豆遗传多样性丰富度、综合变异系数要高于黄淮及东北地区^[22-24],南方作为大豆起源中心的可能性要高于北方。本研究结果表明江西其遗传多样性较高于其他地区,从而也进一步佐证了南方作为大豆起源中心研究的观点。

3.2 不同地理分布野生大豆遗传多样性有较大差异

野生大豆在长期迁移、演化过程中,为了适应各

地的生态环境而形成了不同的生态群体,这些生态群体间的遗传多样性有一定的差异,同时由于不同的生态环境,在时间和空间上造成了野生大豆种群分化。本研究对不同纬度及海拔分布的野生大豆遗传多样性作了比较,结果表明不同纬度及海拔分布的野生大豆遗传多样性差异明显,高纬度和低海拔地区分布的野生大豆具有较高的遗传多样性,当然这可能与分析的种质资源数量有关。但也可进一步说明,如果该地区野生大豆数量多,其遗传多样性就更大,有可能就是遗传多样性中心。

3.3 SSR 聚类与地理来源之间存在较大相关性

在长期的自然选择作用下,相同环境条件下野生大豆生物学性状具有趋同性。在 DNA 分子标记未出现以前,多数研究者利用各地野生大豆资源生物学性状数据,以及种子性状、脂肪与蛋白质含量等的多态性和地理分布特点去研究野生大豆遗传多样性、遗传相似关系及大豆起源中心^[6,23,26]。多数研究认为野生大豆遗传差异与不同环境、不同地理来源有紧密联系,不同生态区野生大豆生物学性状具有较大差异。丁艳来等^[24]从分子水平和表型水平 2 个层面,对中国野生大豆遗传多样性和地理生态特异性进行了系统研究。认为野生大豆地理群体间存在分化,最明显的是生育期性状的分化,反映了地理、光照和温度等生态因子的选择作用。

本研究利用了 48 对 SSR 分子标记研究了 192 份野生大豆的遗传多样性,基于遗传距离,对所有材料进行了遗传相似分析,采用 UPGMA 聚类方法,可将所有材料聚到 3 大类,第 II 大类又可分成 4 小类,分类结果基本上与野生大豆地理来源相一致,只有部分不同来源材料可能由于变异,而聚到其他来源类群中,表明野生大豆的遗传相似关系与地理来源趋于一致。

另外,在野生大豆采集过程中,由于主要基于表型性状不同,如植株高度、叶片形状、叶片大小、子粒大小、泥膜的有无等差异,从而确定所采集的群体或单株类型,所以在同一地理区域可能会采集到多份不同的群体或单株,但有些基因型差异可能由于采集地肥力的差异而导致表型性状的差异,并不是基因本身的差异造成的。在野生大豆采集后,通过 SSR 分子标记的遗传聚类,可将来自同一地理区域是否具有亲缘关系的野生大豆进行区分开来,对直接选择利用野生大豆具有重要参考价值,也可进一步促进野生大豆收集和保存的准确性。

(下转 940 页)

- [J]. Plant Genet Newsl, 1997, 111: 64-68
- [4] Specht C E, Keller E R J, Freytag U, et al. Survey of seed germinability after long-term storage in the Gatersleben genebank (part 2) [J]. Plant Genet Newsl, 1998, 115: 39-43
- [5] FAO/IPGRI. Genebank Standards [M]. Rome: FAO/IPGRI, 1994: 7-8
- [6] 卢新雄, 崔聪淑, 陈晓玲, 等. 国家种质部分作物种子生活力监测结果与分析 [J]. 植物遗传资源学报, 2001, 2(2): 1-5
- [7] 王述民, 张宗文. 世界粮食和农业植物遗传资源保护与利用现状 [J]. 植物遗传资源学报, 2011, 12(3): 325-338
- [8] 许英, 陈建华, 梁明宝, 等. 芝麻种质资源保存技术研究进展 [J]. 植物遗传资源学报, 2011, 12(2): 184-189
- [9] 谭美莲, 严明芳, 汪磊, 等. 世界特种油料种质资源保存概况 [J]. 植物遗传资源学报, 2011, 12(3): 339-345
- [10] 卢新雄, 陈叔平, 刘旭, 等. 农作物种质资源保存技术规程 [M]. 北京: 中国农业出版社, 2008: 4-17
- [11] ISTA. International Rules for Seed Testing [J]. Seed Sci Technol, 1985, 15: 299-355
- [12] Sai Bahu K G, Husai S H, Muralimonan R B, et al. Effect of moisture and container on the storability of paddy seed under ambient conditions of Hyderabad [J]. Seed Res, 1983, 11(1): 71-73
- [13] Lu X X, Chen X L, Guo Y H. Seed germinability of 23 crop species after a decade of storage in the National Genebank of China [J]. Agric Sci China, 2005, 4(6): 408-412
- [14] Priestley D A, Cullinan V I, Wolfe J. Differences in seed longevity at the species level [J]. Plant Cell Environ, 1985, 8: 557-562
- [15] 乌仁其木格, 易津. 不同贮藏条件对驼绒藜种子寿命的影响 [J]. 种子, 2008, 27(10): 6-9
- [16] 陈晓玲, 陈叔平, 卢新雄. 作物内不同类型间种子耐贮性研究 [J]. 中国农业科学, 1998, 31(2): 89-91
- [17] 胡伟民, 胡晋, 宋文坚, 等. 超干长期贮藏对不同类型水稻种子生活力和活力的影响 [J]. 中国水稻科学, 2003, 17(4): 379-382
- [18] 陈晓玲, 卢新雄, 辛萍萍, 等. 国家作物种质库长期贮藏的高粱种子生活力监测研究 [J]. 中国农业科学, 2006, 39(11): 2374-2378
- [19] White G M, Lower O J. Storage characteristics of soybean drying with heated air [J]. Trans Am Soc Agri Eng, 1976, 19: 306
- [20] Khajeh - Hosseini M, Naschzadeh M, Matthews S. Rate of physiological germination relates to the percentage of normal seedlings in standard germination tests of naturally aged seed lots of oilseed rape [J]. Seed Sci Technol, 2010, 38(3): 602-611
- [21] Henckel A. Physiology of plant under drought [J]. Ann Rev Plant Physiol, 1964, 15: 363-386
- [22] Austin R B, Longden P C, Hutchinson J. Some effects of harden carrot seed [J]. Ann Bot, 1969, 33: 883-895
- [23] 卢新雄, 陈晓玲. 水稻种子贮藏过程中生活力丧失特性及预警指标的研究 [J]. 中国农业科学, 2002, 35(8): 975-979

(上接 933 页)

参考文献

- [1] 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, 41(9): 258-259
- [2] 马晓萍, 杨光宇, 杨振宇, 等. 野生大豆在大豆育种中的应用 [J]. 作物研究, 2009, 23(1): 11-12
- [3] 庄炳昌. 中国野生大豆研究二十年 [J]. 吉林农业科学, 1999, 24(5): 3-10
- [4] 王伯荪, 彭少麟. 植被生态学 - 群落与生态系统 [M]. 北京: 中国环境科学技术出版社, 1997: 1-68
- [5] 赵青松. 湖南新田野生大豆遗传多样性分析 [D]. 广州: 华南农业大学, 2008
- [6] 徐豹, 徐航, 庄炳昌, 等. 中国野生大豆 (*G. soja*) 籽粒性状的遗传多样性及其地理分布 [J]. 作物学报, 1995, 21(6): 733-739
- [7] 陈红, 张志良, 王克晶, 等. 重庆地区野生大豆资源区域居群表型多样性的初步分析 [J]. 植物遗传资源学报, 2010, 11(5): 573-577
- [8] 周晓霞, 庄炳昌, 王玉民, 等. 利用 RAPD 技术进行野生大豆种群内分化的研究 [J]. 松辽学刊: 自然科学版, 2001, 11(4): 1-4
- [9] 周晓霞, 庄炳昌, 王玉民, 等. 利用 RAPD 与 SSR 技术进行野生大豆种群内分化的研究 [J]. 中国生态农业学报, 2002, 10(4): 6-9
- [10] 朱维岳, 周桃英, 钟明, 等. 基于遗传多样性和空间遗传结构的野生大豆居群采样策略 [J]. 复旦学报: 自然科学版, 2006, 45(3): 321-327
- [11] 陈辉, 张磊, 张文明, 等. 安徽省新收集野生大豆种质资源的 SSR 分析 [J]. 中国农学通报, 2008, 24(3): 345-349
- [12] 严茂粉, 李向华, 王克晶. 北京地区野生大豆种群 SSR 标记的遗传多样性评价 [J]. 植物生态学报, 2008, 32(4): 938-950
- [13] 王果, 胡正, 张保缺, 等. 山西省野生大豆资源遗传多样性分析 [J]. 中国农业科学, 2008, 41(7): 2182-2190
- [14] 刘亚男, 李向华, 王克晶. 国家基因库野生大豆微核心样本遗传变异性的 SSR 标记分析 [J]. 植物遗传资源学报, 2009, 10(2): 211-217
- [15] 程春明, 王瑞珍, 叶厚专, 等. 江西野生大豆种质资源考察初报 [J]. 江西农业学报, 2005, 17(4): 63-65
- [16] Liu K, Muse S V. PowerMarker: Integrated analysis environment for genetic marker data [J]. Bioinformatics, 2005, 21: 2128-2129
- [17] 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): 954-96
- [18] 李福山. 大豆起源及其演化研究 [J]. 大豆科学, 1994, 13(1): 61-66
- [19] 常汝镇. 关于栽培大豆的起源 [J]. 中国油料作物学报, 1989(1): 1-7
- [20] 盖钧镒, 许东河, 高忠, 等. 中国栽培大豆和野生大豆不同生态类型群体间遗传演化关系的研究 [J]. 作物学报, 2000, 26(5): 513-520
- [21] 王金陵, 孟庆喜, 祝其昌. 中国南北野生大豆光照生态类型分析 [J]. 遗传学通讯, 1973(3): 1-8
- [22] 许东河, 高忠, 田清震, 等. 中国一年生野生大豆群体的遗传多样性研究 [J]. 应用与环境生物学报, 1999, 5(5): 439-443
- [23] 董英山, 庄炳昌, 赵丽梅, 等. 中国野生大豆遗传多样性中心 [J]. 作物学报, 2000, 26(5): 521-527
- [24] 丁艳来, 赵团结, 盖钧镒. 中国野生大豆的遗传多样性和生态特异性分析 [J]. 生物多样性, 2008, 16(2): 133-142
- [25] 文自翔. 中国栽培和野生大豆的遗传多样性、群体分化和演化及其育种性状 QTL 的关联分析 [D]. 南京: 南京农业大学, 2008: 34-66
- [26] Wang K J, Li X H, Li F S. Phenotypic diversity of the big seed type subcollection of wild soybean (*Glycine soja* Sieb. et Zucc.) in China [J]. Genet Resour Crop Evol, 2008, 55: 1335-1346

江西野生大豆遗传多样性分析

作者: 程春明, 杨存义, 马启彬, 年海, CHENG Chun-ming, YANG Cun-yi, MA Qi-bin, NIAN Hai
作者单位: 程春明, CHENG Chun-ming (华南农业大学农学院, 广州510642; 江西省农业科学院作物研究所, 南昌330200), 杨存义, 马启彬, 年海, YANG Cun-yi, MA Qi-bin, NIAN Hai (华南农业大学农学院, 广州, 510642)
刊名: 植物遗传资源学报 
英文刊名: Journal of Plant Genetic Resources
年, 卷(期): 2011, 12(6)

本文链接: http://d.g.wanfangdata.com.cn/Periodical_zwyczyxb201106015.aspx