第9卷 第1期 大豆科学 Vol. 9 No. 1
1990年 2月 SOYBEAN SCIENCE Feb., 1990

我国南方大豆地方品种农艺和品质性状的遗传参数分析*

杨德 盖钧镒 马育华

（南京农业大学大豆研究所）

摘要

由南方13省区的3769份夏大豆地方品种按省分层随机抽样而得的143份材料组成地方群体；由20份南方夏大豆推广品种及品系组成改良群体，在南京两年三重复试验表明，南方地方群体主要特点是晚熟（132.56天），秆较矮（58.05cm），中粒（14.34g/100粒），底荚高（18.47cm），分枝中等（3.86），产量低（1199.25kg/ha），蛋白质含量高（43.73%）、脂肪含量中等（20.19%）。该群体农艺和品质性状具有丰富的遗传变异，并由5%相对遗传进展特点将45个性状分为，GS Ⅰ：极大（>40%）；GS Ⅱ：大（40%－10%）；GS Ⅲ：中等（10%－5%）；GS Ⅳ：一定（<5%）等四类，其中GS Ⅰ、GS Ⅱ类多属产量、生育期、粒茎比、株高、百粒重等农艺性状，GS Ⅲ、GS Ⅳ类多属蛋白质含量及其氨基酸组分、脂肪含量等品质性状。

关键词 大豆种质；地方群体；遗传进展；农艺性状；品质性状

前言

由于大豆改良品种群体遗传基础狭窄，遗传育种家逐步感到在抗病虫害方面遗传脆弱性的威胁，并认为限制了产量等性状遗传改良的潜力[1,9,11]。因此，利用种质资源并拓宽改良品种的遗传基础对于产量提高具有战略意义。国外学者报道了大豆种质评价利用、如产量、粒茎比等性状鉴定；如单交、三交、顶交、互交等改良计划。[8,10,11,14,15]多年来，国内在大豆资源收集、保存、编目等方面做了大量工作，并且鉴定评价、利用创新等也逐步展开。Smartt曾按4级基因库划分，大豆栽培品种及搜集材料为初级基因库[13]，它是育种家可利用的基本素材。在大豆非起源地的国家地区，搜集材料主要由引种材料构成，乃依赖起源地的直接或间接引进。在大豆起源地中国，搜集材料主要由原始农家地方品种组成。显然，我国南北方的地方品种是世界大豆初级基因库中的基础材料。北方资源曾在美国及

* 国家自然科学基金和高等学校科学技术基金资助项目。
本文于1989年3月6日收到 This paper was received on March 6 1989

?1994-2017 China Academic Journal Electronic Publishing House. All rights reserved. http://www.cnki.net

东北大豆生产发展中起到重要作用，但南方资源却迄今还未深入研究，随着拓宽改良群体遗传基础倍受重视，对南方资源开发的兴趣日趋浓厚。南方由于优越而复杂的自然生态条件、悠久的农业历史、复杂的耕作制度，在长期自然及人工选择下形成特色各异的品种类型乃是亟待开发的资源宝库[7]。学者对南方不同地区地方品种进行研究，但对整个南方，特别在产量、粒茎比、品质性状方面研究甚少[2-5]。为此，本研究将由南方地方品种群体的随机样本对产量等农艺性状和籽粒品质性状的遗传潜势进行较系统的分析。本文将估计该群体的45个农艺及品质性状的主要遗传参数。

材 料 和 方 法

一、供试材料

1.143份南方地方品种

采用分层随机抽样方法[12]由南京农业大学大豆研究所保存的南方13省的3769份夏大豆地方品种按省分层随机抽样得到143份地方品种，其中江苏、安徽、湖北、陕南(陕西省秦岭以南地区)、浙江、福建、四川、广西省各10份，另外江西17份、湖南4份、广东20份、贵州16份、云南6份。在1984年由苏、皖、鄂、陕南、浙、闽(10)、赣(17)、湘(3)、粤(20)、黔(16)、滇(4)等11省抽样取120份。在1985年又由湘(1)、川(10)、桂(10)、滇(2)补抽23份。

2.20份南方改良品种

1985年选取，均系本区推广品种及品系。

二、研究性状及群体

分析性状共有24个农艺、产量性状及21个品质(蛋白质含量、脂肪含量、氨基酸组分)性状。

分析中涉及的群体有：

1.南方地方品种样本试验群体：由供试的143份地方品种组成。简称南方地方群体或地方群体、ELRP。

2.南方改良品种样本试验群体：由供试的20份南方推广品种及品系组成。简称南方改良群体或改良群体、EACP。

三、田间试验与室内品质分析

1984、1985年田间试验在本校江浦农场试验站进行，均采用随机区组设计，3次重复，5行区，行距0.5m，株距0.1m；两年行长分别为2m及3m。各小区随机抽样取10株供室内考种，并取中间距3行计产。籽粒蛋白质含量(N×6.25)采用瑞典Tecator公司半微量凯氏自动定氮仪(Kjectec Auto 1030 Analyzer)测定。籽粒脂肪含量采用瑞典LKB公司核磁共振仪(MK ⅢA Newport analyzer，NMR)测定。籽粒蛋白质中氨基酸组分采用酸水解前处理后在日本日立835型氨基酸自动分析仪(Model 835 High Speed Amino Acid Analyzer)测定。蛋白质含量及氨基酸组分在本校中心实验室测定，脂肪含量在本所测定。

四、统计分析方法

(一)两年联合分析的群体参数估计(方法1)

?1994-2017 China Academic Journal Electronic Publishing House. All rights reserved. http://www.cnki.net

由1984、1985年试验资料进行两年一地的联合方差协方差分析(表1)，并以品种平均为单位估计单性状的基因型、基因型与年份与互作、环境、表型方差及遗传力、遗传变异系数、相对遗传进展[6]。并且同时估计两性状间的各类协方差以供进一步分析用。

表1　两年一地的方差协方差分析表

Table 1　Analysis of variance and covariance for two years at one location

变异来源 Source of variation	DF	MS	EMS	F	MCP	EMCP
年份间 Years	1	MS_y	$\sigma^2+L\sigma^2_{gy}+LN^*\sigma^2_g$	MS_y/MS_{gy}	MCP_y	$cov+Lcov_{gy}+LN^*cov_y$
年份内重复间 Rep. within year	2(L−1)	MS_r			MCP_r	
品种间 Var.	N−1	MS_g	$\sigma^2+L\sigma^2_{gy}+2L\sigma^2_g$	MS_g/MS_{gy}	MCP_g	$cov+Lcov_{gy}+2Lcov_g$
品种×年份 Var. ×year	N_1-1	MS_{gy}	$\sigma^2+L\sigma^2_{gy}$	MS_{gy}/MS_e	MCP_{gy}	$cov+Lcov_{gy}$
机误 Error	(L−1)(N+N_1−2)	MS_e	σ^2		MCP_e	cov

注：

$$N^* = \frac{(N_1+N)^2-(N_1^2+N^2)}{(N_1+N)(2-1)}$$

(二)单年分析的群体参数估计(方法2)

由1985年资料进行一般的方差协方差分析，以品种平均为单位估计相应的各参数。

主要计算采用FORTRAN语言程序在本校计算中心的FACOM M340−S计算机上进行。

结　果　与　分　析

一、方差分析

1.地方群体(两年)

根据143个品种的两年资料由方法1进行45个性状的方差分析(表1)。F检验表明，对于品种间差异，除丝氨酸外，其余44个性状均达显著水平，其中甲硫、亮氨酸达10%显著水平；脯、含硫氨基酸达显著水平(5%)，另外40个性状均达极显著水平(1%)。对于年份间差异，除倒伏性外，其余44个性状均达显著水平，其中生育后期达显著水平(5%)；另外43个性状均达极显著水平(1%)。对于年份与品种间互作，结荚高度、一粒荚数、天门、苏、丝、甘、丙、甲硫、亮氨酸9个性状不显著，其余36个性状均达显著水平，其中三粒荚数、苯丙、含硫氨基酸3个性状达显著水平(5%)；另外33个性状均达极显著的水平(1%)。

?1994-2017 China Academic Journal Electronic Publishing House. All rights reserved.　http://www.cnki.net

2. 改良群体(1985年)

根据20个品种的1985年资料由方法2进行45个性状的方差分析。F检验表明,对于品种间差异,粒茎比、单株秆重、茎粗、经济系数等4个性状差异不显著;其余41个性状均显著,其中二粒荚数、含硫氨基酸2个性状达10%显著水平;株高、分枝数、节数、一粒荚数、单株荚数、每粒荚数、蛋白含量、天门、丝、胱、缬、甲硫、酪、组氨酸等14个性状显著(5%);其余25个性状均极显著(1%)。

因丝氨酸在地方群体两年分析中及粒茎比、单株秆重、茎粗、经济系数在改良群体单年分析中品种间差异不显著,故此5个性状在所属群体的遗传参数均未估计。

二、地方及改良群体的参数估计

在方差分析基础上,估计出地方群体(表2)、改良群体(略)的各遗传参数。

1. 地方群体主要特点

从平均数来看(表2),地方群体主要特点是晚熟(132.56天)、秆较矮(58.05cm)、中粒(14.34g/100粒)、底荚高(18.47cm)、分枝中等(3.86)、产量低(1199.25kg/ha)、蛋白质含量高(43.73%)、脂肪含量中等(20.19%)。对于南方地方群体参数估计虽鲜为人知,但许多学者在栽培区划、气候区划等研究中综合分析一致认为南方以有限结荚习性、晚熟与极晚熟、中粒为主,蛋白质含量高[4]。由此主要性状来看,与学者们分析颇为相符,并且从具体数值证实了他们的看法。

2. 地方群体的选择潜力

从5%相对遗传进展来看(表2),大致可将45个性状分为GSⅠ、GSⅡ、GSⅢ、GSⅣ等4种类别(表3)并按遗传力大小分为不同亚类。其分类为:

GSⅠ类:具有极大的遗传进展(GS%>40%)。按相对遗传进展大小依次为三粒荚数、结荚高度、百粒重、株高、脂肪产量、产量、蛋白质产量、倒伏性、单株秆重、每节荚数、一粒荚数、单株粒数、单株粒重、粒茎比,共14个性状。其三粒荚数至每节荚数前10个性状的5%相对遗传进展均超过50%,即它们可获得相对于群体均数一半以上的遗传进展。此14个性状又分为遗传力高($GS\,I_1$)及遗传力中等($GS\,I_2$)两亚类。

GSⅡ类:具有大的遗传进展(40%>GS%>10%)。性状依次为单株荚数、分枝数、生育前期、二粒荚数、生育期、经济系数、节数、酪氨酸、茎粗、生育后期、每荚粒数,共11个性状。并分为遗传力高($GS\,II_1$)及遗传力中等($GS\,II_2$)两亚类。

GSⅢ类:具有中等的遗传进展(10%>GS%>5%)。性状依次为甲硫、脂肪、蛋白质、胱、含硫、精、蛋脂、组氨酸等8个性状。并分为遗传力较高($GS\,III_1$)和遗传力中等及偏低($GS\,III_2$)两亚类。

GSⅣ类:具有一定的遗传进展(GS%<5%)。性状依次为苏、赖、缬、甘、谷、苯丙、丙、脯、天门、异亮、亮、丝氨酸等12个性状。

从上述分类看出,在GSⅠ及GSⅡ类中,除酪氨酸外,均属农艺性状。而在GSⅢ类中,

表2 南方大豆地方群体性状的遗传参数

?1994-2017 China Academic Journal Electronic Publishing House. All rights reserved. http://www.cnki.net

Table 2　Genetic parameters of traits of experimental land race population (ELRP) of soybean in Southern China

序号 No.	Parameter 参数 / Trait 性状	平均数 Mean	变幅 Range	GCV%	h^2%	GS%	
						1%	5%
1	生育前期 (天) Days to flowering	64.36	46.67～91.56	16.60	98.31	43.95	33.91
2	生育后期 (天) Days from flowering to maturity	68.20	44.00～90.83	13.19	89.62	33.35	25.73
3	生育期 (天) Days of growth	132.56	94.29～164.62	13.49	97.69	35.61	27.47
4	粒茎比 Ratio of seed weight and stem weight	0.74	0.18～1.37	25.83	65.28	55.73	43.00
5	倒伏性 Lodging	1.76	0.33～3.70	35.76	74.17	82.23	63.44
6	单株粒重 (g) Seed weigit per plant	36.99	4.27～120.09	39.94	56.31	61.98	47.82
7	单株杆重 (g) Stem weight per plant	50.97	2.56～158.68	35.44	61.08	73.94	37.05
8	产量 Seed yield (kg/ha)	1199.25	383.36～2332.67	36.45	77.22	85.53	65.99
9	百粒重 100－seed waight (g)	14.34	4.69～29.42	35.97	96.43	94.31	72.77
10	株高 (cm) Plant height	58.05	22.12～111.23	34.67	92.34	88.95	68.63
11	结荚高度 (cm) Height of the bottom pod	18.47	7.00～41.75	37.95	91.03	96.68	74.59
12	分枝数 No. of branches	3.86	1.37～6.18	20.67	65.44	44.64	34.44
13	节数 No. of nodes on main stem	17.26	12.18～22.85	14.04	85.75	34.71	26.78
14	一粒荚数 No. of one－seed pods	8.10	0.67～16.96	29.12	67.50	63.88	49.29
15	二粒荚数 No. of two－seed pods	18.47	5.97～36.29	32.11	49.27	43.32	33.42
16	三粒荚数 No. of three－seed pods	3.89	0.39～18.53	68.04	79.10	161.56	124.00
17	单株荚数 No. of pods per plant	30.44	12.43～55.60	22.47	58.84	46.01	35.50

?1994-2017 China Academic Journal Electronic Publishing House. All rights reserved.　http://www.cnki.net

18	每节荚数 No. of pods per node	1.79	0.66～3.56	29.36	71.77	66 41	51.24
19	单株粒数 No. of seeds per plant	45.50	16.49～104.42	29.5	63.38	62.70	48.38
20	每荚粒数 Seeds per pod	1.67	1.00～2.28	8.90	57.38	17.99	13.88
21	茎 粗 (cm) Stem diameter (%)	0.50	0.34～0.73	14.39	80.95	34.58	26.68
22	蛋白质含量 Protein content (%)	43.73	34.12～48.30	4.43	86.37	10.98	8.47
23	脂肪含量 Oil content (%)	20.19	14.74～23.34	5.34	70.55	11.97	9.24
24	蛋脂总含量 Protein and oil content(%)	63.92	51.60～68.99	3.34	83.75	8.17	6.30
25	经济系数 Economic coefficient	40.65	16.56～55.37	16.57	64.23	35.46	27.36
26	蛋白质产量 Protein yield (kg/ha)	527.73	139.29～1035.40	36.25	76.37	84.58	65.26
27	脂肪产量 Oil yield (kg/ha)	240.87	74.96～493.97	37.91	75.93	88.20	68.06
28	天门氨酸 Aspartic acid (g/16gN)	11.8554	11.3239～12.6144	1.24	39.28	2.07	1.60
29	苏氨酸 Threonine (g/16gN)	4.0449	3.8333～5.0201	2.48	68.71	5.50	4.24
30	丝氨酸 Serine (g/16gN)	5.0321	4.4295～5.4878				
31	谷氨酸 Glutamic acid (g/16gN)	18.5102	15.3493～20.0042	2.56	40.59	4.35	3.35
32	甘氨酸 Glycine (g/16gN)	4.2826	4.0862～5.1263	2.24	60.27	4.64	3.58
33	丙氨酸 Alanine (g/16gN)	4.2699	4.0292～4.5464	1.62	51.33	3.10	2.39
34	胱氨酸 Cystine (g/16gN)	1.4286	1.1745～1.8561	5.90	43.68	10.41	8.03
35	缬氨酸 Valine (g/16gN)	4.8616	4.5614～6.3381	3.07	43.35	5.40	4.17
36	甲硫氨酸 Methionine (g/16gN)	0.9719	0.4680～1.4969	9.67	22.34	12.20	9.42
37	异亮氨酸 Isoleucine (g/16gN)	4.5357	4.2714～4.9004	1.39	27.83	1.96	1.51

?1994-2017 China Academic Journal Electronic Publishing House. All rights reserved. http://www.cnki.net

38	亮氨酸 Leucine (g/16gN)	7.5596	6.5837～7.8226	0.98	18.82	1.14	0.88
39	酪氨酸 Tyrosine (g/16gN)	2.5693	1.2548～3.9702	18.95	46.89	34.65	26.74
40	苯丙氨酸 Phenylalanine (g/16gN)	5.0531	4.8045～5.3565	1.58	71.02	3.56	2.75
41	赖氨酸 Lysine (g/16gN)	6.2015	5.6731～6.6512	2.60	61.55	5.46	4.21
42	组氨酸 Histidine (g/16gN)	3.2346	2.7956～3.8677	4.34	41.08	7.42	5.72
43	精氨酸 Arginine (g/16gN)	8.0966	7.1679～9.5646	4.11	66.05	8.92	6.88
44	脯氨酸 Proline (g/16gN)	5.6179	5.2242～5.9468	1.80	29.18	2.60	2.00
45	含硫氨基酸 Cyst. +Meth. (g/16gN)	2.4004	1.8238～3.3256	6.53	34.46	10.23	7.89

表 3　南方大豆地方群体性状的遗传进展分类

Table 3 Analysis of trait genetic advances of experimental land race population of soybean in Southern China

性状类别 Trait group	性状数目 No. of trait in group	各类别指标及属性 Range of parameters of each group				各类性状 Traits in each group
		GS%(5%)		h²%	GCV%	
GSI	14	遗传进展极大 GS%>40%	I₁	遗传力高 h²%>80%	遗传变异极丰富 GCV%>25%	结荚高度，百粒重，株高
			I₂	遗传力中等 80%>h²%40%	遗传变异极丰富 GCV%>25%	二粒荚数，脂肪产量，产量，蛋白产量，倒伏性，单株杆重，每节荚数，　粒荚数，单株粒数，单株粒重，粒茎比
GS II	11	遗传进展大 40%>GS%>10%	II₁	遗传力高 h²%>80%	遗传变异较丰富 25%>GCV%>10%	生育前期，生育期，节数，茎粗，生育后期
			II₂	遗传力中等 70%>h²%>40%	遗传变异较丰富 25%>GCV%>10%	单株荚数，分枝数，二粒荚数，经济系数，酪氨酸，每荚粒数
GS III	8	遗传进展中等 10%>GS%>5%	III₁	遗传力较高 h²%70%	遗传变异丰富 10%>GCV%>3%	脂肪含量，蛋白质含量，蛋脂总含量
			III₂	遗传力中等或偏低 70%>h²%>40%	遗传变异丰富 10%GCV%>3%	甲硫氨酸，胱氨酸，含硫氨酸，精氨酸，组氨酸
GS IV	12	遗传进展一定 GS%<5%		遗传中等或偏低 h²%<80%	遗传变异一定 GCV%<3%	苏氨酸，赖氨酸，缬氨酸，甘氨酸，谷氨酸，苯丙氨酸，丙氨酸，脯氨酸，天门氨酸，亮氨酸，异亮氨酸，色氨酸

* 每荚粒数缬氨酸的 GCV%数值与所属类的 GCV%数值差别略有出入

?1994-2017 China Academic Journal Electronic Publishing House. All rights reserved.　http://www.cnki.net

* The values of seeds per pod and val. are in the range of GCV% of them groups approximwately.

除精、组氨酸外，都属重要的籽粒品质(蛋白质、脂肪、蛋脂)及蛋白质品质(胱、甲硫、含硫)性状。GSⅣ类均为氨基酸组分。简言之，在南方地方群体内，农艺性状均具有极大或大的遗传进展，籽粒品质性状也具有中等的遗传进展，而氨基酸组分仅具有一定的遗传进展。

讨 论

从纯系育种历史来看，数量性状改良策略是个别性状的改进和优良性状的逐步累积。从数量遗传来看，此属单性状有利基因效应的积累及多性状间有利基因效应的结合问题，并以基因加性效应及加×加的上位性效应积累为主。但随着人类驯化进程，改良群体基因库中经济性状上的大多数有利基因已结合到少数近代品种上，其未被结合的有利基因明显减少，其血缘多集中到几个骨干亲本上[1]。因此后代出现重组优异类型的概率降低，所获得的遗传改进逐趋平缓。所以促进基因向改良群体基因库的渗透，丰富其基因数目及类型的课题，成为育种长期计划中基本内容。从本文结果看，产量、粒茎比等农艺性状属GSⅠ及GSⅡ类，具有较大的遗传进展、遗传变异系数及遗传力，它们都从不同侧面揭示了南方群体在农艺性状上具有极大的内在遗传潜势。它为各种特异基因筛选鉴定提供广泛的遗传基础，对改良群体的种质渗进及基因库拓宽有重要价值。仅从本试验对该群体的一次抽样来看，在这些性状上就已出现一些有用材料。如三粒荚数的相对遗传进展为124.0%，居45个性状首位，居供试材料前三位的N3273、N10684、N2964(此为本所编号)三粒荚分别为18.53、12.65、9.86荚，而三粒以上荚数占单株总荚数分别为48%、42.6%、26.1%。显然它们在育种中提高多粒荚数具有较大潜力。如百粒重群体平均数为14.34g，变幅大(4.69g－29.42g)，超过25g大粒种有7个(N3259、N3319、N1600、N1719、N3807、N1605、N3323)，其中浙江省就有3个。N3201、N3318、N10684三个材料的粒茎比分别为1.37、1.27、1.15，经济系数分别为53.18%、55.73%、52.90%，均居前三位。从小区产量来看，N5450、N1569、N3362、N3707均高于2300kg/ha，与苏协一号比较，减产仅为－6.18%、－5.84%、－12.41%、－15.74%，但与改良群体平均数相比较，分别增产17.37%、17.85%、9.58%、5.42%。因此它们仍是具有增产遗传潜力的材料。

从品质性状看，虽均属GSⅢ及GSⅣ类，群体内在潜势相对较小，但蛋白质含量平均数较高，南方群体是品质育种中重要的高蛋白基因资源。

在考虑种质产量有利基因向改良群体渗进时，不论采用何种杂交方式，有效地筛选鉴定出具有高产潜力材料作为亲本，是成功的关键。Reese和Kenworthy通过1940份引种材料中得到的9份直观选择及14份产量选择材料，与4份改良品种杂交所得的92个组合的F_2代群体，进行直观选择与产量选择鉴定比较，结果表明，选择产量本身才是有效的方法[11]。在本试验中，我们采用一地两年三重复试验进行小区产量评价，其鉴定明显优于直观选择结果。但目前种质改良中杂交亲本多来自于植株的直观选择，因此我们建议重视种质资源的产量评价，加强产量筛选，适当进行有重复试验的异地鉴定，较准确地鉴别出一批具有高产潜力的材料，将对大豆的产量改进是极其有益的。

?1994-2017 China Academic Journal Electronic Publishing House. All rights reserved. http://www.cnki.net

参 考 文 献

[1] 王绶、吕世霖，1984，大豆，山西人民出版社。

[2] 马育华、盖钧镒，1979，遗传学报 6(3)：331—338。

[3] 戴瓯和等，1986，中国农业科学 4：34—39。

[4] 卜慕华、潘铁夫，1982，大豆科学 1(2)：115—121。

[5] 宋启建等，1987，南京农业大学学报 3：29—36。

[6] 马育华，1982，植物育种的数量遗传学基础，江苏科技出版社。

[7] 三金陵，1983，东北农学院学报 2：1—8。

[8] Dadson, R. B. et al., 1982, Soybean Genet. Newsl. 10: 52—54.

[9] Duvick, D. N., 1984, Econ. Bot. 38(2): 161—178.

[10] Kenworthy, W. J. & D. A. Brim, 1979, Crop Sci. 19: 315—318.

[11] Reese, P. F. et al., 1988, Crop Sci. 28: 237—241.

[12] Snedecor, G. W. & W. G. Cochran, 1980, Statistical Methods, 7th ed. Iowa State Univ. Press. Amas Iowa U. S. A.

[13] Smartt, J., 1984, Econ. Bot. 38(1): 24—35

[14] Thorne, J. C. & W. R. Fehr, 1970, Crop Sci. 10: 677—678.

[15] Vello. N. A. et al., 1984, Crop Sci. 24: 511—514.

ANALYSIS OF GENETIC PARAMRTERS OF AGRONOMIC AND SEED QUALITY TRAITS OF SOYBEAN LAND RACES IN SOUTHERN CHINA

Yang De　　Gai Junyi　　Ma Yuhua

(*Soybean Research Institute, Nanjing Agricultural University, Nanjing*)

Abstract

The study was conducted to estimate genetic parameters of 24 agronomic traits, such as days to flowering, days to maturity, plant height, 100—seed weight, seed yield, etc., and 21 seed quality traits, including protein content and oil content in seed, and amino acid compositions in seed protein, of soybean land races in Southern China. The field trails with randomized block design of 3 replications and 5 rows per plot were planted in Nanjing in early June, 1984 and 1985, respectively. The 163 varieties in the trails were used to represent 2 populations in Southern China. The first population was the Experimental Land Race Population (ELRP) with 143 varieties which sampled with straified random sampling method from a collection of 3769 varieties preserved in the Soybean Research Institute, Nanjing Agricultural Univ ersity. The second was the Experimental Advanced Cultivar Population (EACP) represented by 20 ccurrent cultivars or linesin Southern China. Some basic genetic parameters of 45 traits were estimated for ELRP and

?1994-2017 China Academic Journal Electronic Publishing House. All rights reserved.　　http://www.cnki.net

EACF. The main features of the ELRP were late maturity (132.56 days of growth), lower plant height (58.05cm), larger seed size (14.34g/100 seeds), high height of the lowest pod on stem (18.47cm), middle numbers of branches on stem (3.86), low seed yield (1199.25kg/ha), high protein content in seed (43.73%). The 45 traits of ELRP divided into 4 groups according to the values of relative expected genetic gains (GS%). The group GSI was of the most great GS% (>40%); the group GS Ⅱ was of great GS% (10—40%); the group GS Ⅲ was of moderate great GS% (5—10%); and the group GS Ⅳ was of low GS% (<5%). Most agronomic traits, such as days to flowering, days to maturity, plant height, 100—seed weight, ratio of seed weight and stem weight per 10 plants, seet yield per plot, etc., were in group GS Ⅰ or GS Ⅱ, but most seed quality traits, such as protein cntent and oil content in seed, most amino acid compositions in seed protein, etc., were in group GS Ⅲ or GS Ⅳ. The results showed that the ELRP has abundant genetic potential on most traits, esp. agronomic traits for enriching soybean breeding potential.

Key words Soybean germplasm; Land race population; Genetic gains; Agronomic traits; Seed quality traits.

?1994-2017 China Academic Journal Electronic Publishing House. All rights reserved. http://www.cnki.net