

# 从加拿大大豆系谱分析谈大豆产量育种

胡国华

(黑龙江省农垦科学院红兴隆科研所)

## 摘 要

利用来自加拿大四个时期的130个大豆推广品种的系谱及遗传数据作为本文分析研究的对象。分析结果表明,全部亲本最终都是来源于38个原始亲本;四个时期新基因型的进入,呈一个双峰曲线,但新的基因型在每个时期都进入了推广品种的核心部分。原始核心基因库经过四个时期,随着累积遗传贡献的减少,在系谱中出现的频率却增加。一个高产品种,必须要有一个不同形式平均占66.3%原始核心基因库的核心基因型,以保持它高产的稳定性。聚类分析表明,不同时期都出现了相似的组,有以原始核心基因库为主的大组,有正在改良中的中等组,及新基因型掺入的单组。这些组的作用与活动促进了整个加拿大大豆的遗传进展,改良中的中等组在以后的年代有可能成为具有最大稳定性大组中一个新的亚组,单组在以后年代里有可能成为改良的中等组。

以上结果也表明了大豆产量育种,必须要有一个核心基因群的骨架,即原始核心基因库。在这基础上进一步掺入新的高产基因,才有可能获得高产的目的。原始核心基因库中的核心基因型在高产品种内可以有不同的形式。聚类分析中的不同组具有不同的遗传背景。优良品种都是来自不同组间的杂交,以组间的遗传差异来配制组合,能增加一定程度的优良组合成功率。新的高产基因应用的主要问题是高产基因的改良,实际上也是基因累加的过程。

**关键词** 系谱分析;原始核心基因库;大豆产量育种

大豆的产量育种必须依靠新的遗传资源,目前仅有很少的大豆遗传资源被利用为提高大豆产量与保持产量稳定性的亲本。Specht 和 Williams(1983)在统计121个北美推广的大豆品种时发现,88%的北美大豆具有12个亲本的成份。Delamney 也报告大约只有10个亲本在北美大豆推广品种中具有最大的遗传贡献。Thorne 和 Fehr(1970)在进行适应品

• 本文于1989年3月27日收到。 This paper was received on March 27, 1989.

本文曾得到世界大豆遗传学会主席 R. J. Buzzell 博士,加拿大农业部科学院 H. Voldeng 博士, Perry Jui 博士以及 Norm 博士的帮助,特致感谢。

种三种不同杂交方式研究中指出,最好的品种来源于具有 75% 的适应基因的遗传基础。Shoener 和 Fehr(1979)同时也指出新的基因资源在短周期的提高产量育种中不是有效的,它们不能产生高产的品种。

本文的目的是通过评价加拿大大豆推广品种,在四个时期的遗传背景,探索新的基因型活动与发展的规律,以及高产品种形成的遗传组成。

## 材 料 和 方 法

利用来自加拿大 130 个大豆推广品种的系谱及遗传数据作为本文分析研究的对象。所有推广品种被分成四个推广时期(1960 年前,1961 年至 1970 年,1971 年至 1980 年,1981 年以后)。同时讨论了它们的遗传背景与亲本的遗传贡献,并进一步运用聚类分析方法进行遗传上的相似分析。平均遗传贡献与累积遗传贡献按照 Delamnay 和 Rodger 提出的方法计算。本文数据来源于加拿大安大略省多年多点大豆区域试验值。

## 分 析 和 结 果

130 个推广品种的系谱分析指出,全部亲本最终来源于 38 个原始亲本(表 1)。它们来自 8 个国家,其中 15 个来自中国的东北,2 个来自中国的南方,占整个亲本的 45%。

从每一时期原始亲本应用情况分析,整个时期原始亲本应用的数量表现为一个双峰

表 1 130 个加拿大大豆品种的亲本起源

Table 1 The original parents of 130 Canadian soybean cultivars

编号 Code	起 源 Origin	国 家 Country	编号 Code	起 源 Origin	国 家 Country
1	Manchu	中国东北 China (N. E)	20	052--903	瑞典 Sweden
2	PI70502--2	中国东北 China (N. E)	21	Korean	朝鲜 Korea
3	Mandarin (Ottawa)	中国东北 China (N. E)	22	FC33243	美国 U. S. A.
4	Manitoba Brown	加拿大 Canada	23	PI70218	中国东北 China (N. E)
5	Mukden	中国东北 China (N. E)	24	Jogun	朝鲜 Korea
6	A. K (Harrow)	中国东北 China (N. E)	25	Goldsoy	加拿大 Canada

7	Strain 171	中国东北 China(N. E)	26	Aoda	日本 Japan
8	Illini	中国东北 China(N. E)	27	PI65338	中国东北(N. E)
9	Dunfield	中国东北 China(N. E)	28	PI84946-2	朝鲜 Korea
10	Mansoy	中国东北 China(N. E)	29	PI180.501	德国 Germany
11	Seneca	中国东北 China(N. E)	30	840-7-3	瑞典 Sweden
12	Kanro	朝鲜 Korea	31	T109,PI84631	朝鲜 Korea
13	Flambeaw	苏联 USSR	32	Glycine soja	美国 U. S. A.
14	Potoka	中国东北 China(N. E)	33	Fisbey	瑞典 Sweden
15	L37-1355,PI81041	日本 Japan	34	Fisbey	瑞典 Sweden
16	CNS	中国南方 China(N. S)	35	PI232997	未知 Unknown
17	S100	中国东北 China(N. E)	36	Arksoy	朝鲜 Korea
18	Tokyo	日本 Japan	37	Roanoke	中国南方(S. )
19	PI54610	中国东北 China(N. E)	38	PI194641	瑞典 Sweden

曲线,即形成少—多—少—多这样一种情形。在第一期中,有 17 个亲本(表 1 编号 1 到 17)形成了该期的全部推广品种。在第二期中有 26 个原始亲本被利用,除第一期中的 Mansoy 没有继续被利用,另增加了 10 个新的原始亲本(从编号 18 到 27)。到第三期降到了 20 个原始亲本,除第二期中 Seneca, Flambeaw, Potoka, PI81041, 052-903, FC 33243, PI 70218, Goldsoy, Aoda 和 PI65338 没被继续利用,新增加了 4 个新的原始亲本(从编号 28 至 31)。最后一期又增加到 29 个原始亲本,除第三期中 PI84946-2 和 T109 没被继续利用,而第二期中 4 个原始亲本(Flambeaw, Potoka, PI81041 和 052-903)又被重新利用,另增加 7 个新的原始亲本(从编号 32 至 38)。

假如我们把一些利用率较高的原始亲本称之为核心基因库(Nuclear gene pool),每个时期原始亲本数量变化似乎是核心基因库在发展过程中又有新的原始亲本进入核心基因

表 2 原始核心基因库在四个时期中的遗传贡献

Table 2 The genetic contribution of ancestral nuclear—pool during 4 periods

时 期 Period	原始核心基因型 Ancestral nuclear genotype	平均遗传贡献 M. G. C.	累积遗传贡献 C. G. C.	在现存系谱中频率 F. P. P
1960 年以前 Before 1960	Mandarin (Ottawa)	0.1763	0.4489	0.39
	PI70502-2	0.1563	0.3365	0.46
	Mukden	0.2009	0.3750	0.54
	Manchu	0.1272	0.2969	0.43
	A. K (Harrow)	0.0625	0.3500	0.18
1961 至 1970 1961 to 1970	Mandarin (Ottawa)	0.2098	0.2897	0.72
	PI70502-2	0.1020	0.1849	0.55
	Mukden	0.1078	0.2404	0.45
	Manchu	0.1257	0.2025	0.62
	A. K (Harrow)	0.0496	0.1597	0.31
1971 至 1980 1971 to 1980	Mandarin (Ottawa)	0.2773	0.2860	0.97
	PI70502-2	0.1224	0.1303	0.94
	Mukden	0.1280	0.1400	0.91
	Manchu	0.1086	0.1494	0.73
	A. K (Harrow)	0.1127	0.1377	0.82
1980 年以后 After 1980	Mandarin (Ottawa)	0.2826	0.2826	1.00
	PI70502-2	0.0781	0.0822	0.95
	Mukden	0.0917	0.0991	0.93
	Manchu	0.0736	0.0920	0.80
	A. K (Harrow)	0.1357	0.1391	0.98

Note: M. G. C. —Mean genetic contribution, C. G. C.—Cumulative genetic contribution, F. P. P—Frequency of presence in pedigree

库。把第一期中 5 个利用率最高的原始亲本 (Mandarin (Ottawa), PI70502-2, Mukden, Manchu, A. K. (Harrow)) 称为原始核心基因库。以这为基础, 在第二期中有 2 个原始亲本 (Tokyo 和 PI54610) 在以后的时期中逐步成为了原始核心基因库中新的核心基因, 即形成新的核心基因库。这二个亲本的进入是由于 C1069 与她姐妹系在作亲本利用上有较高成功的频率, 而 C1069 是来源于 Ogden/Lincoln, 而 Ogden 是来源于 Tokyo/PI54610。在以后各期中 Jogun 也成为了核心基因库中新的核心基因。

原始亲本的遗传贡献标志着该原始亲本在品种形成中的作用大小。表 2 显示了原始核心基因库中的原始亲本在各个时期中遗传贡献的变化。从表中可发现, 随着时期的推移, 5 个原始亲本的平均遗传贡献与累积遗传贡献的差异越来越小, 而在系谱中出现的频率却越来越高, 说明这 5 个亲本对高产品种的适应性与稳定性具有关键的作用。同时可看到 Mandarin 在 1981 年以后的系谱中的频率已达到了 1.0, 其它 4 个原始亲本都超过了

0.80 的频率。几乎所有 1981 年以后推广的品种都包含着原始核心基因库的成份。同样也可得出原始核心基因库在 1981 年以后的推广品种中的平均累积遗传贡献为 66.3%, 即 5 个原始亲本累积遗传贡献与在系谱中频率的加权平均。

表 3 显示了四个不同时期大豆推广品种按照它们血缘关系的聚类分析。按照平均距离系数为 1.0 的分类标准, 各期都出现了相似的三种类型组。第一种类型仅是一种单组,

表 3 品种血缘的聚类分析

Table 3 The cultivars classification depended on ancestral lines

1960 年以前 Before 1960		1961 至 1970 1961 to 1970		1971 至 1980 1971 to 1980		1980 年以后 After 1980	
组号 Group code	品 种 Varieties	组号 Group code	品 种 Varieties	组号 Group code	品 种 Varieties	组号 Group code	品 种 Varieties
I <sub>1</sub>	Blackhaw, Hawkeye	I	Adelphia, Amsoy	I <sub>1</sub>	Ada, McCall,	I	Maple Ridge
	Chippewa, Clark, Ford	II <sub>1</sub>	Ancona,	I <sub>2</sub>	Amcor, Cumberla, Evans	II <sub>1</sub>	Baron, Bicentennial
	Renville, Shelby, Lindarin	II <sub>2</sub>	Beeson, Calland, Cutler		Wilkin, Harcor, Hardin,		OAC Scorpio, OACLibra
II <sub>2</sub>	Harly, Hardome, Harosoy,		Kent.	I <sub>3</sub>	Coles, Vinton, Weber		KG30, Galaxy, Marathan
	Lincoln, Monroe, Madison,	II <sub>3</sub>	Hark, Provar, Traverse		Harlon, Steele		Canatto, 0877, 1677,
	Ross, Comet		Rampage, Wirth, Wayne	I <sub>4</sub>	Bonus, Wells, Century		Merlin, KG80, Jewel
I <sub>3</sub>	Pagoda, Acme	II <sub>4</sub>	Norman, Portage		Nebsoy, Pomona, Cutler 71,		J231, KG20, AP10,
I <sub>4</sub>	Capital, Merit	II <sub>5</sub>	Dunn, Mousoy	I <sub>5</sub>	Crawford, Desoto, Douglas,		DSR171, Combat, Crusader
II	Adams, Henry	II <sub>6</sub>	Disoy, Magna Prize		Oakland, Pella		S23 03
III	Norchief	II <sub>7</sub>	Clay, Corsoy	I <sub>6</sub>	Swift	II <sub>5</sub>	J82
IV	Grant	II <sub>8</sub>	Prolana	II	Maple arrow, Maple presto	II <sub>3</sub>	S2596, Eagle, 1981
V	Kanrich	III	Vansoy	III	DSR301, DSR302		J193
VI	Wabash	IV	Verde	IV	Marion	II <sub>4</sub>	B220, 9271, 9273
V II	Scott	V	Delmer	V	Hodgson	II	Maple Amber, Olinda

V II	Perry	VI	HP- 5003	VI	Grande	II 6	Ace, 1282
		V II	Altona	VII	Miles	III	KG82
		V III	Bethel			IV	Mapl Isle.
						V	Corsoy 79
						VI	Nattawa
						V II	Apache
						V III	A2943, A3127

Note: I, II, III.....表示组, 1, 2, 3.....表示亚组, 如 I<sub>2</sub>指的是第一组中的第2亚组。

I, II, III.....Represent group, 1, 2, 3....., represent sub group, I<sub>2</sub> is 2 sub-group in I group.

即只有一个品种组成的组, 这种组的意义在于成功地应用了新的基因型。在第一期中有 6 个单组 (III、IV、V、VI、VII、VIII 组)。它们主要是成功地应用了苏联的 **Flambeau**, 中国的 **CNS, S100, Potoka**, 朝鲜的 **Kanro** 与日本的 **PI81041**。在第二期中有 6 个单组, 它们主要是应用了 **Goldsoy, Aoda, FC33243, 052-903** 和 **PI70218** 新的基因型。其中一个单组保持上期单组中 **CNS** 与 **S100** 的遗传成份, **CNS** 是来自中国南方在美国南方具有最大遗传贡献的亲本。在第三期中有四个单组, 具有了 **Jogun, Korean, T109** 与 **PI180, 501** 的新的遗传成份。在第四期中有 6 个单组, 具有了 **Fiskeby III, PI94641, Arksoy** 等新的遗传成份。

第二种类型是过渡组, 即有二个以上品种组成的组。它的作用有的类似单组, 但有些是对新加入遗传型的发展。如第一期中的 II 组是由二种新的遗传型复合形成了 **Adms** 与 **Henry**; 第二期中的 I 组是由上期 **Adms** 组发展而来; 第三期中的 III 组主要是对瑞典早熟基因的应用; 第四期中 VIII 组, 主要是众多遗传型综合的结合, 它包括了 10 个以上原始亲本的遗传基础。

第三种类型也就是由最多品种组成的大组, 这个大组可进一步分成亚组。这些亚组之间的差别在于有着相同的主要遗传基础, 和不同的内容与比例。如第一期可分成四个亚组, I<sub>1</sub> 亚组具有 **Mukden, Manchu** 和 **PI70502** 2 核心基因型的血缘; I<sub>2</sub> 亚组具有 **Mandarin, A. K.** 和 **Mukden** 核心基因型的血缘; I<sub>3</sub> 亚组具有 **Mukden** 的血缘; I<sub>4</sub> 亚组具有 **A. K.** 与 **Stain171** 的血缘。第三期中的 I<sub>1</sub> 亚组结合了最多的核心基因型; I<sub>2</sub> 亚组保持了比较重要的稳定性基因型 **Mandarin**; I<sub>3</sub> 亚组同样结合了不同的核心基因型, 但比重不同; I<sub>4</sub> 亚组保持了更多的 **Mandarin** 成份, 又增加了 **Tokyo** 和 **PI54610** 的成份; I<sub>5</sub> 亚组具有众多的 **PI1** 基因型成份。这些亚组之间虽然存在着相似的遗传基础, 却是发展的。如第二期中的 I 组可分成 8 个亚组。其中 4 个亚组保持了第一期中 4 个亚组的遗传基础, 而另外 4 个亚组在这基础上吸收了新的遗传成份。II<sub>1</sub> 亚组吸收了 **Korean** 的新成份; II<sub>2</sub> 亚组吸收了 **Tokyo** 和 **PI54610** 新的成份。一些新的亚组是由原先单组或过渡组发展而来。第二期中的 II<sub>3</sub> 亚组是由 **Kanro** 单组发展而来, 同样第四期中也存在从单组发展而来的亚组。

## 讨 论

大豆产量育种中亲本选配一个关键是要有一个核心基因群的骨架。从加拿大大豆推广品种的系谱分析,在第一时期形成的原始核心基因库成为了以后新品种选育中核心基因群的主要骨架。我省高产品种选育也存在这样的原始核心基因库。分析我省绝大部分大豆高产品种,它们都含有满仓金与紫花四号的血缘。其原始核心基因库主要为满仓金与紫花四号的原始亲本盖家屯四粒黄,金元与克山白眉。

在大豆高产品种选育中,核心基因库不断得到丰富与发展。一些新的基因型掺入对大豆产量提高起着重要的作用。从加拿大大豆系谱分析发现,在第二期与第三期中加入的新基因型 Tokyo(日本),PI54610(中国东北),Jogun(朝鲜)与 CNS(中国南方)都在近期加拿大高产育种中起着重要的作用。但也可发现这些新的基因型在一个高产品中只有很少的比例。在我省大豆高产选育中,后期增加的蓑衣领,克山四粒荚,小金黄一号,日本的十胜长叶等原始亲本,对产量提高同样起着积极作用。以我省推广面积最大的合丰 25 为例,新高产基因比例也是很小的。十胜长叶只占了 25%,克山四粒荚占了 12.5%。

从原始核心基因库遗传贡献分析中得出,一个推广品种必须保持平均 66.3% 的原始核心基因库中的核心基因型。实际上大多数高产品种都超过了这个值,以保持品种在利用新的高产基因中,协调其本身高产的稳定性与适应性。从加拿大近三年区域试验中高产品种的分析,除 A3127 原始核心基因库的成份为 34.35%,其余象 0877 为 87.5%,1282 为 81.17%,9271 为 65.57%,Jewel 为 93.7%,A2943 为 60.87%。从目前我所育成的高产品系分析,钢 8169-5 是由合丰 25×Kent 杂交育成的,Kent 它含有 75% 的中国东北血缘与 25% 的日本 Tokyo 血缘。钢 8168-4 是由合丰 25×邓恩杂交育成的,而邓恩同样含有 75% 的中国东北血缘。从这些成功的育种都说明原始核心基因库对稳定高产,调节新高产基因的适应性显得十分重要,而且它在高产品中具有较高的比重。

不同组间具有不同的遗传背景,大多数的优良品种都是来自不同组或亚组之间的杂交。从遗传上来讨论,最佳的亲本选配是来自遗传上的不同。在高产育种中不同组或亚组间的杂交可能成为短期产量育种中较好的组合,因为它们具有某些相同的核心基因与不同的遗传背景。从加拿大品种来分析,1677 是由 Corsoy<sup>2</sup>/Rampage 杂交育成的,Corsoy 和 Rampage 都是来自不同的亚组。同样象 Jewel(Corsoy/Wells),B220(Hark/Amosy),Eagle(Wells/Williams),Ace(Evans/Mayne)都是来自不同的组或亚组。

一个新的高产基因型要成为产量提高的有效因子,必须要有一个累加育种的过程,即创造中间材料的过程。从聚类分析可得出,一个新的高产基因型,首先得成为一个单组或过渡组,然后进入大组成为与核心基因型结合的新亚组。这过程也是累加育种过程。例如,从加拿大对南美高产基因 CNS 应用分析,在第一期只有一个品种 Scott 具有 CNS 的血缘,CNS 占品种中总的血缘的 25%。在第二期中,有三个品种 HP-963 与 Wayne 具有 CNS 的血缘,CNS 在 HP-963 中占了 25%,而在 Wayne 中只占 12.5%。但在亲本利用上 Wayne

远远超过了 HP-963。到第三期,有 11 个品种具有 CNS 的血缘,除 Miles 中具有 16.6% 的 CNS 血缘,其它品种只占到 0.1% 至 3.1%。到第四期,除 A3127 含有 18.7% 的 CNS 血缘,其它 11 个品种只是保存 3.1% 至 9.25%。新的高产基因在品种中较低的比重,形成了一批高产材料,象 1981, 1282, A2943, 9271, 0292, Combat 等。其它高产基因也是相同。可以设想,对一个新高产基因的利用,必须建立一个大的杂交集团,通过反复的复合杂交,有目的地降低新高产基因在高产品种中的频率,有利缩短育种的累加过程,而达到高产育种的突破性进展。

根据系谱分析得出的大豆产量育种的亲本规律,有助于减少育种工作亲本选配的盲目性,以提高大豆产量育种的效率。但大豆产量育种是一个复杂的问题,还会遇到亲和力与配合力等问题,这些均有待于进一步研究。

### 参 考 文 献

- [1] Committee on Genetic Vulnerability of Major Crops. 1972. Genetic vulnerability of major crops. Natl. Acad. Sci., Washington, D. C.
- [2] X. Delarany, D. M. Rodgers, and R. G. Palmer. 1983. Relative genetic contributions among ancestral lines to North American soybean cultivars. Crop Sci. 23:944—949.
- [3] T. Hymowitz, C. A. Newell, and S. Carmer. 1977. Pedigrees of soybean cultivars released in the United States and Canada. INTSOY Series No. 13, Urbana, 3.
- [4] Thorne, J. C., and W. R. Fehr. 1970. Exotic germplasm for yield improvement in 2—way and 3—way soybean crosses. Crop Sci. 10:677—678.
- [5] USDA. 1987. Evaluation of the USDA. Soybean germplasm collection, maturity groups 000 to 6.
- [6] W. R. Fehr, and S. R. Cianzio. 1981. Registration of soybean germplasm populations AP10 to AP14. Crop Sci. 21:477—478.
- [7] N. A. Vello, W. R. Fehr, and J. B. Bahrenfus. 1984. Genetic variability and agronomic performance of soybean populations developed from Plant Introductions. Crop Sci. 24:511—514.
- [8] C. S. Schoener, and W. R. Fehr. 1979. Utilization of plant introductions in soybean breeding populations. Crop Sci. 19:185—188.



## EVALUATION YIELD BREEDING OF SOYBEAN FROM THE PEDIGREE ANALYSES IN CANADA

Hu Guohua

(*Hongxinglong Research Institute, Land Reclamation  
Science Academy of Heilongjiang Province*)

### Abstract

The pedigrees of 130 Canadian soybean cultivars during four periods were studied. The result shows, all parents came from 38 ancestral lines; the new genotypes during four periods came in the nuclear part as a curve line. 5 ancestral lines which were the highest genetic contribution in the nuclear gene—pool appeared the increase of frequency of presence in pedigrees as the dropped of cumulative genetic contribution. A higher yield variety needs average 66.3% ancestral nuclear genes of different forms in the cultivars. So it could keep the stability of high yield. The classification analyses shows, the similar groups were appeared in the different period, such as large group which had most nuclear genes; medium group which was improved and single group which the new genotypes were came in. The function and action of these groups formed genetic improvement of Canadian soybean. The medium group could become a new sub—group in the largest group which was the highest stabile and single group would become medium group or sub—group.

The soybean yield breeding needs a from of nuclear genepool and combined a few new genes of high yield. The nuclear genotypes were different forms in the high yield varieties. Different groups in classification analyses were different genetic background. The best variety was from the crossing between the different groups or sub—groups. Also it can get success depended on genetic variance on the origin. The main problem of new high yield gene is improvement of stabile high yield gene, also the process is the gene cumulation.