

大豆高产基因拓宽与改良的途径与方法

胡国华*

(东北农业大学大豆研究室)

在大豆育种中,产量的提高依赖于大豆高产基因的拓宽。尽管人们已经开始从生理生化及理想型各方面来研究此种基因的拓宽^[1,2,3]。到目前为止,在大豆产量提高上显得不十分有效。以致研究大豆高产基因拓宽的途径,已成为每个大豆育种者迫切需要解决的问题。从大豆产量提高的进展来研究大豆高产基因拓宽的途径,对目前以有性杂交为主的大豆产量育种的高产基因的拓宽具有积极与现实的意义。

一、大豆产量育种在产量提高中的效应

从世界大豆主产国的单产变化分析(表1)。大豆产量的提高,显得缓慢与不平衡。我国从“六·五”大豆育种攻关开始,大豆单产有较大幅度的提高。1980年后,每年增产14.1kg/公顷比1980年前增加了3.4kg/公顷。三个大豆主产国的产量,平均每年每公顷增产11kg,递增0.63%。从51年大豆发展历史来分析,我国大豆增产速度较快,每年递增0.87%。但与世界一些主产国大豆的绝对产量仍有一定的差距,我国绝对产量仅是三个国家平均单产的79.7%,说明我国高产基因的拓宽仍有很大的潜力。

表1-1 1950—1991年世界大豆主产国产量的变化

Tabel 1-1 Variation of yield in soybean productive countries in 1950 to 1991 Unit:T/hect.

国家	Countries	1950	1978—1980	1988—1991
中国	China	0.733	1.095(1980)	1.391
美国	U.S.A	1.478	1.979	2.061
巴西	Brazil	1.298	1.436	1.781
平均	Average	1.183	1.503	1.744

* 东北农业大学研究生,工作单位黑龙江农垦科学院红兴隆研究所。
本文于1993年3月27日收到。

This paper was received on march 27, 1993.

表 1-2 1950—1991 年世界大豆主产国大豆增产幅度
Table 1-2 Range of increasing yield in soybean productive
countries in 1950 to 1991 Unit: kg/hect/year

国家	Countries	1980 年前 Before 1980	1980 年后 After 1980	平均 Average	%
中国	China	10.7	14.1	12.1	0.87
美国	U. S. A	16.7	3.9	11.4	0.55
巴西	Brazil	4.6	16.4	9.5	0.53
平均	average	10.7	11.5	11.0	0.63

Burton(1987)^[11]提出可把美国的大豆育种历史看作一个轮回选择的过程。Luedders (1977)^[12]证明了从 1933 年到 1971 年,成熟期 I 到 IV 组的品种经历了四轮选择。产量提高 50%,大约每年平均递增 1%。Wilcox 等(1979)^[13]发现从 1923 年到 1974 年,成熟期 II 和 III 组的品种,产量平均每年递增 0.6%。Boerma(1979)^[14]报道,从 1942 年到 1973 年,成熟期 VI 到 VIII 组的品种,产量每年递增 0.7%。Specht 和 Williams(1984)^[15]发现从 1902 年到 1977 年,成熟期 00 到 IV 组的品种,产量提高为每年每公顷 18.8kg。Fehr(1987)^[16]总结以上四人研究结果认为,由于育种使产量的增加值为每年每公顷 15.1kg,每年递增 0.6%。对照美国大豆生产增产幅度,1980 年前大豆增产值为 16.7kg/公顷/年,品种增产效应约占整个增产效应的 90%左右。

表 2 黑龙江省不同品种育成阶段大豆品种性状的变化* (红兴隆 1980—1982)

Table 2 Variation of character of soybean varieties in different stages
(Hongxinglong 1980—1980)

熟期组 Groups of maturity	株高 Plant height			倒伏 Lodging			节间长度 Length of nodes			每荚粒数 Seeds per pod			生育期 Days of growth		
	I	II	III	I	II	III	I	II	III	I	II	III	I	II	III
早熟 Early maturity	73.4	83.9	63.9	1.2	1.8	0.4	6.02	6.61	5.24	2.13	2.18	2.29	111.6	106.4	109.6
中早熟 Middle-early maturity	53.7	/	68.2	0	/	0.7	4.48	/	5.25	2.15	/	2.44	122.9	/	112.6
中熟 Middle maturity	98.9	81.1	74.9	2.5	1.3	1.2	6.55	5.59	5.72	2.4	2.2	2.41	125.1	121.0	122.0

* 各阶段代表品种:早熟组, I 阶段黑龙江 41, II 阶段合交 13, III 阶段黑河 3 号;中早熟组, I 阶段紫花四号, II 阶段丰收 10 号,红丰 2 号,红丰 3 号;中熟组 I 阶段满仓金, II 阶段东农 4 号,合交 6 号, III 阶段黑农 10 号,合丰 23,早熟组 III 阶段为 1980 及 1982 年资料平均,其余均为 1980—1982 资料的平均。

二、高产基因演变过程与组成

从大豆产量育种发展历史分析,它遵照了选择→推广→重组→选择,这样一种无止境的循环。而每一次循环,在血缘上得到了补充与改变,在性状上得到了改进。

更多的血缘关系研究都仅在横向比较上,以及在研究祖先亲本的遗传贡献上^[5, 6, 15, 20, 21, 22]。胡国华(1990)^[7]作了各时期的纵向比较,加拿大与北美的大豆遗传进展证实了每一期都有新的高产基因被拓宽。在第二期(1961—1970年)中,主要是日本的Tokyo,中国东北的PI54610与朝鲜Jogun新的高产血缘的掺入,这主要体现在美国南方Ogden品种的推广利用。在后二个阶段(1971年—至今),主要是中国南方CNS的血缘加入。CNS是美国南方对产量育种具有最大遗传贡献的亲本。拓宽的途径主要是通过Lee的品种利用。分析我国黑龙江省大豆育种历史。50年代主栽品种的血缘主要为黄宝珠、金元、克山白眉,在以后阶段增加了襄衣领,克山四粒荚,小金黄一号,对产量提高起着积极的作用。后期十胜长叶高产基因引入利用,从1984—1988年,有其血缘的推广品种就达12个。同样,辽宁省对半栽培类型熊岳小粒黄高产基因的利用,对产量也起着重要的作用,先后育成了15个大豆高产品种。

直接利用新的高产基因,对短周期提高产量,不是有效的^[17]。Thorne和Fehr(1970)^[18]在进行适应品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%适应基因的遗传基础。田佩占(1988)^[4]提出利用夏大豆血缘以占1/4左右为宜。从加拿大与北美对美国南部高产基因型CNS应用的分析指出。在50年代,只有一个品种Scott具有CNS的血缘,CNS的血缘占25%。到60年代,Wayne品种成为以后育成品种的很好亲本材料,使包含的CNS血缘下降到12.5%。在70年代以后,除了Miles与A3127含有16.6%与18.7%的CNS血缘外,其它21个品种只含有从0.1%到9.25%的CNS血缘。从黑龙江省对十胜长叶利用分析也可看出,对用十胜长叶改良的克4430—20的利用,就优于直接对十胜长叶的利用,而育成了高产品种合丰25,合丰26,合丰30,红丰5号。从目前对合丰25亲本利用的情况分析,其后代表现又优于对克4430—20的利用。说明新的高产基因拓宽的含义,不是简单对一个新的高产基因型的直接利用,而是必须经历利用再利用,拓宽再拓宽的过程。这样才能充分发挥一个新的高产基因中高产基因的潜力。

在品种更替过程中,新的高产基因应用使一些农艺性状得到了明显的改良^[8]黑龙江高产品种演变过程中,抗倒伏性增强,分枝数减少,株高有所降低,主茎结荚密度增加等性状的改良,并不是一下子形成的。50年代,以满仓金为代表的品种,主要表现为熟期较晚,分枝多,节间长,易倒伏。在第二阶段通过用杆稍强,熟期较早的紫花4号,秃荚子等为亲本与满仓金杂交,育成了以东农4号,合交6号为代表的高产类型。其抗倒伏性从2.5级提高到1.3级,节间缩短了0.96cm,株高降低了17.8cm,生育期提早了4.1天。第三阶段,通过以小粒豆9号为代表的尖叶四粒荚大豆类型,使元叶的大豆高产类型演变为尖叶类型。每荚粒数明显提高,早熟组增加了7.5%,中早熟组增加了13.5%。80年代,通过进一步对十胜长叶血缘的利用,增加了荚密度。表2显示了1950年至1980年三个阶段,各熟期组品种性状变化的情况。

高产基因的拓宽,最终都要落实到性状的表现上。某些性状的变化与突破带来了产量

的提高。如尖叶品种的应用增加了三、四粒荚。节间缩短增加了秆的强度与荚数。目前近似单秆类型的高产基因型品种,只是停留在主茎各产量性状之间互相协调,而取得适应环境最佳的高产表达。今后要期望产量上有较大的突破,必须在现有性状上有较大突破。设想突破的品种应是秆强,主茎上保持现有水平,多分枝,分枝上节间短,结荚密度大,适合稀植亚有限结荚习性的品种。

三、高产基因拓宽中的重要因素

高产品种的形成要有其本身一定的遗传基础。这种基础包含了适应基因与新的高产基因,以及适应基因与新高产基因之间的成份比重。Delannay 等(1983)^[20]研究了美国和加拿大 1981 年以前杂交育成品种的血缘组成,发现 10 份引入种质对北美基因库的遗传贡献达 80% 以上。Hiromoto 等(1986)^[21]分析了巴西 69 个杂交育成品种的系谱,其中的 11 个提供了大豆基因库 89% 的遗传物质。张国栋(1983)^[5]分析了黑龙江省育成的大豆品种多数都有满仓金,元宝金,紫花 4 号和荆山朴的血缘。孙志强等(1990)^[6]统计辽宁省 10 个贡献最大的祖先品种的累积遗传贡献为 67.07%。吉林省 10 个最大贡献的祖先品种的累积遗传贡献为 63.02%,黑龙江省 10 个祖先品种的累积遗传贡献为 72.06%。胡国华(1990)^[7]统计加拿大 130 个推广品种中,贡献最大的 5 个祖先品种,其累积遗传贡献为 66.30%。新的高产基因拓宽,不是适应基因基础的改变,而是另外不足 40% 遗传基础,要有新的高产基因掺入。一些旧的高产基因,因其高产基因与基础基因之间不同方式的组合,同样也能产生高产的效果。但其遗传进度将不断下降,增产幅度不是太大。这反映了品种具有较强的适应性后,其遗传提高便有了局限性,反映了经常利用(适应种×适应种)或(优系×优系),会限制亲本之间的遗传变异能力^[12,15]。加拿大最近育成的 A3127,9271 与 KG82 高产品种都具有较多的高产血缘,重要一点是不同高产基因在血缘中只占有很低的频率。

四、高产基因拓宽的途径和方法

杨庆凯等(1991)^[9]提出二个设想。一是良种良法的概念提前到育种的选择阶段;二是探索稀植品种高产的潜力。这二个设想,从高产基因拓宽的角度来考虑。一是提高高产基因的表达能力;二是改良目前高产基因的结构。随着品种的替代过程,高产品种经历了一个从秆软,分枝多到秆强,分枝少的过程。目前少分枝类型的高产潜力,只是更好地调剂粒大小与粒数之间关系,除非有新的高产基因的发掘。走稀植高产的途径,有可能获得高产的目的。因为这是在新的遗传基础上,即抗倒伏及分枝性增强或有丰富遗传基础上对高产一种创新。但值得注意的是,并不是从现有遗传基础中去寻找适合稀植条件的高产类型,而是应对适合稀植高产基因的发掘,才能在稀植的条件下走出高产的路子。

杂交组合方式,从原先的单交发展到目前复合杂交与梯度育种。复合杂交增加了群体的变异能力,但变异情况的复杂化,给选择带来了困难。梯度育种是较有效的高产育种途径,但需时间较长。如何解决复合杂交与梯度育种之间的矛盾,是高产育种中值得研究的问题。国内较多的育种单位习惯采取系谱的选择方法。而新的选择方法对复合杂交可能更为有利。

群体的改良对产量育种显得十分重要,它可以丰富高产基因型的遗传背景。田佩占

(1991)^[9]指出,把不同遗传背景中的产量基因结合在一起,使其更加丰富起来,会进一步提高产量的能力。轮回选择方法作为对群体改良一种有效的方法,在产量上成功的例子不多^[22]。互交亲本个数可能成为轮回选择研究的一个主要问题。Baker 和 Curnow (1969)^[23]曾指出,就提高选择反应而论,超过 16 个品系的群体在头十轮选择并不是有效的。但过小的群体,其预期遗传进度也是小的。而 Brim 和 Burton (1979)^[24]却发现 12 个品系群体与 45 个品系群体的遗传进度是相似的。轮回选择对产量提高的困难,很大程度上与群体的遗传基础有关。适应性基因与高产基因之间不合适的比重,造成了高产基因表达的困难。较多新的高产基因互相结合,需要有一定的遗传基础来保证高产的表达。

高产基因的拓宽,应有效地把生态远缘的种质逐步渗入到适应品种中去,逐步拓宽使血缘关系越来越复杂。利用十胜长叶高产基因的拓宽,可认为品种合丰 25 的拓宽已接近了最大值。同样利用熊岳小粒黄的拓宽,品种铁丰 18 与辽豆 3 号也接近了最大的值。所以要注意新的高产基因的掺入。组成一个改良群体应利用少量的外引高产种质,但不同的改良群体可以有不同外引种质。东北大豆利用南方高产基因拓宽,应走随地理上的北移,逐渐增加北方基础基因的途径。有意识组成多个,新的高产基因不断渗入的拓宽集团。这样可以保持高产基因与适应基因的合适比例,有利高产基因的拓宽与新的高产基因渗入。

参考文献

- [1] 董钧镒等,1990,大豆高产理想型生理基础的探讨,江苏科学技术出版社,大豆育种应用基础和技术研究进展,3—12
- [2] 邱家训等,1990,不同群体密度下夏大豆产量的在冠层的分布,江苏科学技术出版社,大豆育种应用基础和技术研究进展,13—18
- [3] 田佩占等,1990,大豆高产理想型的研究,江苏科学技术出版社,大豆育种应用基础和技术研究进展,19—23
- [4] 田佩占等,1988,组合类型,选择地点及选择方法对杂交后代选择效果影响的研究,大豆科学 7(2):87—95
- [5] 张国栋,1983,黑龙江省大豆品种系谱分析,大豆科学 2(3):384—393
- [6] 孙志强等,1990,东北地区大豆品种血缘组成分析,大豆科学 9(2):113—120
- [7] 胡国华,1990,从加拿大大豆系谱分析谈大豆产量育种,大豆科学 9(2):168—176
- [8] 杨庆凯,1982,黑龙江省大豆生产品种更替过程中农艺性状演化趋势的初步分析,东北农学院学报,4(2):41—45
- [9] 杨庆凯等,1991,大豆高产育种的方向和途径,作物杂志(2):4—5
- [10] 田佩占,1991,大豆高产育种的理论和实践,第四届全国大豆学术讨论会暨“七五”大豆育种攻关(关内片)经验交流会论文摘要汇编,45
- [11] Burton, J. W. 1987, Quantitative genetics; Relevance to soybean breeding. In: Wilcox, J. R. (ed). Soybeans: Improvement, production, and uses. P211—247
- [12] Luedders, V. D. 1977. Genetic improvement in yield of soybeans. Crop Sci. 17:971—972
- [13] Wilcox, J. R. W. T. Schapangh. J. R. L. Bernard, R. L. Cooper, W. R. Fehr, and M. H. Neihans, 1979. Genetic improvement of soybeans in the Midwest. Crop Sci. 19:803—805
- [14] Boerma, H. R. 1979. Comparison of past and recently developed soybean cultivars in Maturity Groups VI, VII and VIII. Crop Sci. 19:611—613
- [15] Specht, J. E., and J. H. Williams. 1984. Contribution of genetic technology to soybean productivity — retro-

- spect and prospect P49—74. In W. R. Fehr(ed). Genetic contributions to yield gains of five major crop plants. Spec. Pub. 7. Crop Science Society of American and American Society of Agronomy. Madison, WI
- [16] Fehr, W. R. 1987. Breeding methods for cultivar development. In Wilcox, J. R. (ed) Soybeans; Improvement, production, and uses. P249—293
- [17] Shoener, C. S. and W. R. Fehr, 1979. Utilization of plant introductions in soybean breeding populations. Crop Sci. 19; 185—188
- [18] 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
- [19] Vello, N. A., 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
- [20] Delannay, X., D. M. Rodgers, and R. G. Palmer, 1983. Relative genetic contributions among ancestral lines to North American soybean cultivars. Crop Sci. 23; 944—949
- [21] Hiromto, D. M., et al., 1986. The genetic base of soybean cultivars in Brazil. Soybean Abstract. 12; 2543
- [22] Koinange, E. M. K., J. W. Burton, and C. A. Brim. 1981. Recurrent selection for yield in soybeans using genetic male—sterility. Agron. Abstr. American Society of Agronomy. Madison, WI. P64
- [23] Baker, L. H., and R. N. Curnow, 1969. Choice of population size and use of variation between replicate populations in plant breeding selection programs. Crop Sci. 9; 555—560
- [24] Brim, C. A., and J. W. Burton. 1979. Recurrent selection in soybean. II. Selection for increased percent protein in seeds. Crop Sci. 19; 494—498

STRATEGY ON RECLAMATION OF HIGH—YIELD GENES TO SOYBEAN

Hu Guohua

(*Department of Soybean, Northeast Agricultural University*)

Abstract

The benefit and effect in yield—increasing by reclaiming high—yield genes, the process of high—yield genes development, and the important factors in using high yield genes, were analysed by use of historical soybean varietal development. The way of reclaiming high—yield genes and the problem must be solved in the way was pointed out. The way of high—yield gene reclamation was studied from pedigree relationship of the developed soybean cultivars. It was suggested that the relationship between high—yield genes and adaptable genes in high—yield genetic base should be acknowledged. In reclamation of high—yield genes of soybean of the south to soybean of North East should increase the adapted proportion of genes step by step geographically from south to north.