

## 中俄大豆种质遗传多样性分析

张小明<sup>1,2</sup>, 刘丽君<sup>1</sup>, 唐晓飞<sup>1,2</sup>, 杨 喆<sup>1</sup>, 高明杰<sup>1</sup>, 张 雷<sup>1</sup>, 蒲国峰<sup>1</sup>, 范海金<sup>3</sup>

(<sup>1</sup>黑龙江省农业科学院大豆研究所, 黑龙江哈尔滨 150086; <sup>2</sup>东北农业大学, 黑龙江哈尔滨 150086; <sup>3</sup>宁安农场, 黑龙江宁安 157400)

**摘 要:**种质资源的扩增、改良和创新是解决大豆遗传基础狭窄的主要途径。利用 SSR 分子标记技术对来自俄罗斯和黑龙江省的 82 份野生大豆和东北四省区的 39 份栽培大豆材料进行遗传多样性分析, 为种质资源利用和创新提供分子依据。在所合成的 45 对 SSR 引物中, 12 对引物扩增结果表现出良好的多态性, 多态性位点共检测到 50 个等位基因, 每个位点 2~7 个, 平均 4.17 个, 平均多态性信息量为 0.595。聚类分析结果表明, 在遗传相似系数 0.734 处, 野生大豆和栽培大豆被明显的分开, 与以往大豆属 *Soja* 亚属的形态学分类结果相一致, 为野生大豆和栽培大豆分为两个种提供了分子水平上的依据。野生大豆和栽培大豆的平均遗传距离分别为 0.2595 和 0.1895, 表明野生大豆的遗传多样性比栽培大豆丰富。因此, 可以利用俄罗斯和东北地区的野生大豆特有等位变异来扩大东北栽培大豆遗传多样性, 进而拓宽东北大豆遗传基础。

**关键词:**SSR; 野生大豆; 栽培大豆; 遗传多样性

## Genetic Diversity of Soybean Germplasm in Russia and China

ZHANG Xiao-ming<sup>1,2</sup>, LIU Li-jun<sup>1</sup>, TANG Xiao-fei<sup>1,2</sup>, YANG Zhe<sup>1</sup>, GAO Ming-jie<sup>1</sup>, ZHANG Lei<sup>1</sup>, PU Guo-feng<sup>1</sup>, and FAN Hai-jin<sup>3</sup>

(<sup>1</sup>Soybean Research Institute, Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences, Harbin 150086, Heilongjiang; <sup>2</sup>Northeast Agriculture University, Harbin 150086, Heilongjiang; <sup>3</sup>Ning'an Farm, Ning'an 157400, Heilongjiang, China)

**Abstract:** The collection, improvement and innovation of germplasm resources are main ways to enrich the genetic basis of soybean. The genetic diversity of 84 accession of wild soybean from Russia and Heilongjiang province, China, and 39 accession of cultivated soybean from Northeast China, was studied by SSR technique. Forty-five SSR primers were synthesized according to published data, and 12 out of them had polymorphic alleles. A total of 50 alleles were observed, the number of alleles in different loci ranged from 2 to 7, averaging 4.17 per locus, the average polymorphism information content (PIC) was 0.595. Cluster analysis showed that wild and cultivated soybean belonged to two species from the dendrogram at the site of genetic similarity coefficient 0.734, which conformed to phenotypic results. The average genetic distance of wild soybean and cultivated soybean were 0.2595 and 0.1895 respectively, which suggested that wild soybean had more polymorphism than that of cultivated soybean. Hence, wild soybean from Russia and Northeast China could be used to broaden the genetic basis of cultivated soybean in Northeast China.

**Key words:** SSR; Wild soybean; Cultivated soybean; Genetic diversity

作物的遗传多样性是作物改良的基础, 遗传多样性研究是保护生物学的核心研究领域之一。对遗传多样性的研究可以揭示物种的进化历史, 探讨物种的进化过程, 为作物种质资源利用提供科学依据。

大豆遗传基础狭窄是限制新品种有重大突破的主要原因。从目前全国各地大豆品种的系谱分析发现其遗传背景都程度不同地来自少数几个种质的现象(盖钧镒和崔章林, 1994), 遗传背景单一的抗

性品种群体不能对付突如其来的多变的致病性基因和不良环境的危害, 这种现象如果继续下去会给大豆生产带来严重影响。因此, 必须寻找与利用多态性丰富的种质资源以促进大豆育种和生产的发展。

大豆属 *Glycine* 由两个亚属组成, 即 *Glycine* 亚属和 *Soja* 亚属。其中 *Soja* 亚属是最重要的亚属, 只有两个一年生种, 包括人类栽培的物种栽培大豆 (*G. max*) 和它的祖先种野生大豆 (*G. soja*)。野生大豆是

收稿日期 (Received): 2007-09-20; 接受日期 (Accepted): 2007-11-08

基金项目: 引进国际先进农业科学技术计划 948 项目 (2006-G5)

作者简介: 张小明 (1982-), 女, 硕士研究生, 研究方向为大豆遗传育种。

通讯作者 (Corresponding author): 刘丽君, 研究员。E-mail: nkyssbd@126.com

扩大栽培大豆遗传基础的最有利的物种,是植物遗传改良的重要资源。近 10 年来,国内外对野生大豆进行了广泛的研究,这些研究为拓宽大豆育种的遗传生物学技术的发展,RAPD、RFLP、AFLP、SSR 等分子标记手段大量的应用于大豆遗传研究奠定了基础。

关于大豆种质资源遗传多样性分析的研究,赵洪锟等(2001)对我国不同纬度的野生大豆和栽培大豆进行多样性分析,用 12 对引物将 44 份野生大豆和栽培大豆分为两类并找到 BARC-sat39 特异引物。海林等(2002)对 67 份半野生大豆进行遗传多样性分析,用 12 对引物将供试材料划分为 5 个组群。吴晓雷等(2001)对大豆属 11 个种 37 份材料遗传多样性分析,明显的区分出 *Glycine* 亚属和 *Soja* 亚属。关荣霞(2004)对日本 5 个地区的 39 份大豆与 942 份中国 3 个生态区 7 种植类型大豆进行遗传差异分析,明确地把中国和日本大豆材料分为两个类群,说明日本大豆可以作为新的基因源来拓宽我国大豆育成品种的遗传基础。周蓉等(2006)对湖北省 64 份大豆种质资源进行遗传多样性分析,将湖北省地方大豆品种分为 3 个类群。

本研究对俄罗斯远东地区的 54 份野生大豆、黑龙江省的 28 份野生大豆和东北四省区主栽大豆品种 39 份材料进行了遗传多样性分析,为利用野生大豆资源拓宽东北大豆遗传基础,进一步有效利用野生大豆资源开展大豆育种工作提供参考信息。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料

俄罗斯远东地区的 54 份野生大豆、黑龙江省的 28 份野生大豆和东北四省区主栽大豆品种 39 份材料。供试材料均由黑龙江省农业科学院大豆研究所提供(见表 1 和表 2)。

### 1.2 总 DNA 的提取

新鲜叶片总 DNA 采用 Rogers 和 Bendich (1994)报道的 CTAB 法并稍有改进,利用紫外分光光度计测定浓度,0.8% 琼脂糖检测 DNA 质量,用 TE 稀释至 20 ng  $\mu\text{L}^{-1}$  备用。

### 1.3 引物

选择引物 satt335、satt020、satt590、satt593、satt505、satt309、satt210、satt578、satt516、satt358、satt239 和 satt316,在 <http://www.soybase.com/> 网上获得相应序列,由上海生工合成。

表 1 野生大豆品种编号、来源

Table 1 Wild soybean materials and origin

编号 No.	来源 Origin	编号 No.	来源 Origin	编号 No.	来源 Origin
kb1	R	kb28	R	yx21	兴安盟-1 Xinganmeng-1
kb2	R	kb29	R	yx22	兴安盟-2 Xinganmeng-2
kb3	R	kb30	R	yx23	兴安盟-3 Xinganmeng-3
kb4	R	kb31	R	yx24	通河 Tonghe
kb5	R	kb32	R	yx25	高楞红 Gaolenghong
kb6	R	kb33	R	yx26	呼兰柳叶 Hulanliuye
kb7	R	kb34	R	yx27	尚志北 Shangzhibei
kb8	R	kb35	R	yx28	亚布力-1 Yabuli -1
kb9	R	kb36	R	yx29	呼兰 Hulan
kb10	R	kb37	R	yx30	亚布力-2 Yabuli -2
kb11	R	kb38	R	yx31	康金-1 Kangjin-1
kb12	R	kb39	R	yx32	延寿 Yanshou
kb13	R	kb40	R	yx33	延寿西 Yanshouxi
kb14	R	kb41	R	yx34	乌吉密-1 Wujimi-1
kb15	R	kb42	R	yx35	尚志-1 Shangzhi-1
kb16	R	kb43	R	yx36	呼兰-1 Hulan-1
kb17	R	kb44	R	yx37	兴隆镇 Xinglongzhen
kb18	R	kb45	R	yx38	阿城 Acheng
kb19	R	kb46	R	yx39	乌吉密-2 Wujimi-2
kb20	R	kb47	R	yx40	康金-2 Kangjin-2
kb21	R	kb48	R	yx41	帽儿山 Maoershan
kb22	R	kb49	R	yx42	徐东风 Xudongfeng
kb23	R	kb50	R	yx43	呼兰-2 Hulan-2
kb24	R	kb51	R	yx44	小岭 Xiaoling
kb25	R	kb52	R	yx45	亚布力-3 Yabuli-3
kb26	R	kb53	R	yx46	尚志-2 Shangzhi-2
kb27	R	kb54	R	yx47/yx48	

R: Russia

### 1.4 SSR 分析

反应体系总体积 20  $\mu\text{L}$ , 含有大豆基因组 DNA 2  $\mu\text{L}$ ; 10  $\times$  Buffer(含  $\text{Mg}^{2+}$ ) 3.0  $\mu\text{L}$ ; dNTPs(2.0 Mol  $\text{L}^{-1}$ ) 1.6  $\mu\text{L}$ ; Primer Pair 2  $\mu\text{L}$ ; Taq 酶(2 U  $\mu\text{L}^{-1}$ ) 0.3  $\mu\text{L}$ ; ddH<sub>2</sub>O 11.1  $\mu\text{L}$ 。加 15  $\mu\text{L}$  石蜡防止蒸发。PCR 反应程序: 94 $^{\circ}\text{C}$  预变性 5 min, 1 个循环; 94 $^{\circ}\text{C}$  变性 30 s; 47 $^{\circ}\text{C}$  退火 30 s; 72 $^{\circ}\text{C}$  延伸 30 s; 35 个循环; 72 $^{\circ}\text{C}$  延伸 5 min, 1 个循环; 4 $^{\circ}\text{C}$  保存。反应在 Gene Amp PCR System 9700 上进行。PCR 产物采用 6% PA 60W 电泳检测, 照相并统计数据。

### 1.5 数据处理

每个 SSR 位点, 以 1 和 0 记录等位基因的有无, 缺失记为“.”, 获得矩阵。将全部电泳结果的数据利用 NTSYSpc 2.02a 软件, 以简单相配系数(Simple matching coefficient, SM)进行 Similarity 分析, 计算得到自交系的遗传相似值(genetic similarity, GS), 计算公式为:  $\text{GS} = m / (m + n)$ , 其中  $m$  为基因型间共

有的带数目,  $n$  为差异带数目。遗传距离 (genetic distance, GD) 计算公式为:  $GD = 1 - GS$ 。多态性信息量 (polymorphism information content, PIC), 其计算公式为:  $H_i = 1 - \sum f_i^2$ , 公式中  $H_i$  是某个位点的预期异质结合度, 指从群体中随机选取的两个个体在某一位点具有不同等位变异的可能性, 多用来表示标

记检测遗传多样性,  $f_i$  表示某一位点的第  $i$  个等位变异在群体中出现的频率。利用 NTSYSpc 2.02a 软件进行聚类分析, 在遗传相似系数矩阵的基础上, 用 UPGMA (Unweighted Paired Group Method Using Arithmetic Averages) 方法构建 121 份材料的分子系统树。

表 2 栽培大豆材料及其来源

Table 2 Cultivated soybean materials and origin

编号	来源	名称	编号	来源	名称
No.	Origin	Variety name	No.	Origin	Variety name
zx1	内蒙古 I	蒙豆 12 Mengdou 12	zx21	辽宁 L	铁丰 34 Tiefeng 34
zx2	内蒙古 I	蒙豆 13 Mengdou 13	zx22	辽宁 L	铁丰 35 Tiefeng 35
zx3	内蒙古 I	蒙豆 14 Mengdou 14	zx23	吉林 J	吉育 59 Jiyu 59
zx4	内蒙古 I	蒙豆 16 Mengdou 16	zx24	吉林 J	吉育 65 Jiyu 65
zx5	内蒙古 I	蒙豆 17 Mengdou 17	zx25	吉林 J	吉育 69 Jiyu 69
zx6	内蒙古 I	蒙豆 18 Mengdou 18	zx26	吉林 J	吉育 72 Jiyu 72
zx7	辽宁 L	辽豆 14 Liaodou 14	zx27	吉林 J	吉育 63 Jiyu 63
zx8	辽宁 L	辽豆 15 Liaodou 15	zx28	吉林 J	吉育 67 Jiyu 67
zx9	辽宁 L	辽豆 16 Liaodou 16	zx29	黑龙江 H	黑农 39 Heinong 39
zx10	辽宁 L	辽豆 17 Liaodou 17	zx30	黑龙江 H	黑农 40 Heinong 40
zx11	辽宁 L	辽豆 19 Liaodou 19	zx31	黑龙江 H	黑农 43 Heinong 43
zx12	辽宁 L	辽豆 20 Liaodou 20	zx32	黑龙江 H	黑农 44 Heinong 44
zx13	黑龙江 H	合丰 35 Hefeng 35	zx33	黑龙江 H	黑农 45 Heinong 45
zx14	黑龙江 H	合丰 25 Hefeng 25	zx34	黑龙江 H	黑农 46 Heinong 46
zx15	黑龙江 H	合丰 42 Hefeng 42	zx35	黑龙江 H	黑农 48 Heinong 48
zx16	辽宁 L	铁丰 29 Tiefeng 29	zx36	黑龙江 H	黑农 49 Heinong 49
zx17	辽宁 L	铁丰 30 Tiefeng 30	zx37	黑龙江 H	黑河 19 Heihe 19
zx18	辽宁 L	铁丰 31 Tiefeng 31	zx38	黑龙江 H	绥农 8 Suinong 8
zx19	辽宁 L	铁丰 32 Tiefeng 32	zx39	黑龙江 H	绥农 14 Suinong 14
zx20	辽宁 L	铁丰 33 Tiefeng 33			

I: Inner Mongolia; H: Heilongjiang; L: Liaoning

2 结果与分析

2.1 SSR 多态性分布和遗传多样性检测

为了充分揭示位于不同连锁群上的 SSR 位点在供试材料中的遗传多样性, 随机合成了 45 对引物, 通过调整 PCR 反应条件进行筛选, 其中位于连锁群 F、C<sub>1</sub>、C<sub>2</sub>、I、O、M、A<sub>1</sub>、G、B<sub>2</sub> 上的 12 对 SSR 引物谱带清晰且具有较好的多态性。这 12 对引物共检测出 50 个等位变异, 每对引物检测的等位变异数在 2~7 之间, 平均每对引物等位变异数 ( $A_p$ ) 为 4.17 个。由此可以看出, 用 SSR 标记揭示大豆不同种的遗传多样性的效率是比较高的, 其中检测等位基因数最多的引物为 satt020, 检测出了 7 个, 最少的为 2 个 (图 1, 2)。SSR 引物的多态性信息量 (PIC) 范围在 0.285~0.898, 平均为 0.595 (表 3), PIC 值得大小取决于检测到的等位基因数目及基因频率, 而与基因频率关系更为密切。

表 3 大豆 SSR 位点和遗传多样性

Table 3 Diversity of SSR loci and genes in soybean

编号	位点	核心序列	连锁群	等位基因数	多态性
No.	Locus	Repeat unit	Linkage group	Number of allele	信息量 PIC
1	satt1335	(ATT)12	F	4	0.898
2	satt020	(ATT)16	B2	7	0.651
3	satt590	(ATT)26	M	3	0.647
4	satt593	(ATT)15(TTG)	A	3	0.285
5	satt505	(ATT)14	G	2	0.506
6	satt309	(ATT)13	G	2	0.526
7	satt210	(ATT)25	M	3	0.592
8	satt578	(ATT)11	C1	4	0.468
9	satt516	(ATT)19	F	3	0.353

PIC: polymorphism information content

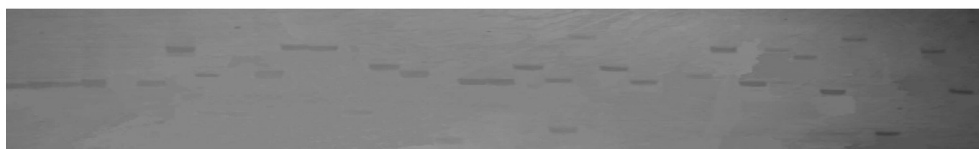


图1 Satt020 位点的 SSR 多态性(6% PA)

Fig. 1 SSR Polymorphism at locus Satt020

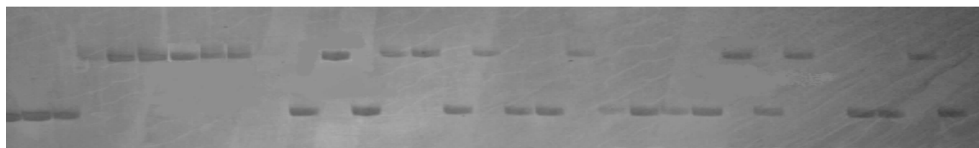


图2 Satt358 位点的 SSR 多态性(6% PA)

Fig. 2 SSR Polymorphism at locus Satt358

研究结果还显示,不同的 SSR 引物多态性存在一定的差异,因此在种质的遗传多样性检测中 SSR 核心引物的选择也是一个重要的方面。实验中可以根据引物多态性信息量的大小,选择那些分布在不同连锁群上、多态性信息量大的 SSR 引物组成,可以快速、有效的对供试材料进行遗传差异分析。

## 2.2 聚类分析

利用 NTSYS2.02a 软件对所得数据按 UPGMA 进行聚类分析(图 3),121 份材料中相似系数最小的为 0.67,在相似系数为 0.734 处,栽培大豆与野生大豆 2 个种被完全分开,与以前大豆属亚属的形态学分类结果基本一致,说明野生大豆与栽培大豆不但在形态上差异明显,在遗传基础上也存在明显的区别,本研究结果支持野生大豆与栽培大豆分为 2 个独立种的假说;另外来源于同一地区的材料有聚在一起的趋势,说明同一地区材料的遗传关系近于地区间的。在相似系数为 0.701 处,121 份材料分为 4 组,只有一份俄罗斯的野生大豆 kb31 与栽培大豆聚为一类,其它俄罗斯野生大豆材料分为两组,其中一组均为俄野生大豆,另一组为俄野生大豆与中国的野生大豆 yx25 与 yx47 聚为一类,哈周边的野生大豆中 yx27、yx21、yx22、yx23 没有与其它的野生大豆聚为一类,而与栽培大豆聚为一组,这些野生大豆材料可能属于一些过渡类型,因此,对这些材料进一步的研究可能提供十分有意义的信息。由于实验所采用的引物数有限,等位变异较少,俄野生大豆组内 kb24、kb43 和 kb47 及 kb40、kb41、kb42、kb46、kb48 等遗传关系最近的材料的相似系数为 1,需要

更多的标记加以区分。

研究基于 SSR 结果,得到所有供试材料的遗传相似系数,分析得出野生大豆和栽培大豆的平均遗传距离分别为 0.2595 和 0.1895,表明野生大豆的遗传多样性比栽培大豆更丰富,这与赵洪锐等(2001)的研究结果一致。从聚类图中可以看出,SSR 标记可以非常明显的将野生大豆和栽培大豆区分开,在栽培大豆中,相同来源地的品种遗传距离较小,亲缘关系较近。

## 3 讨论

许多学者在野生大豆和栽培大豆的遗传多样性的研究中分别在等位基因数目及多态性信息量等方面进行了比较,其中 Rongwen 等(1995)在 96 个包括野生、栽培大豆种质中,共得到 11~26 个等位变异,平均多态性信息量为 0.74,其利用的 7 个 SSR 引物获得了 94 份材料独特的 SSR 指纹图谱。本研究虽然从多连锁群上选择 12 对 SSR 引物进行分析,共检测到 2~7 个等位变异,平均多态性信息量为 0.595,但不能覆盖整个基因组的种间变异,只有在构建高密度图谱的基础上进行图位指纹分析,才能更准确地画出分子系统树。本试验结果虽然没有 Rongwen 等(1995)的理想,但得到相似的结果。可见利用 SSR 标记揭示种质资源的遗传多样性是十分有效的,因此在种质的遗传多样性检测中核心引物的筛选也是一个重要的方面。

利用 DNA 分子标记研究遗传多样性时,分析的位点数越多,反映的信息就越全面。王彪等(2003)

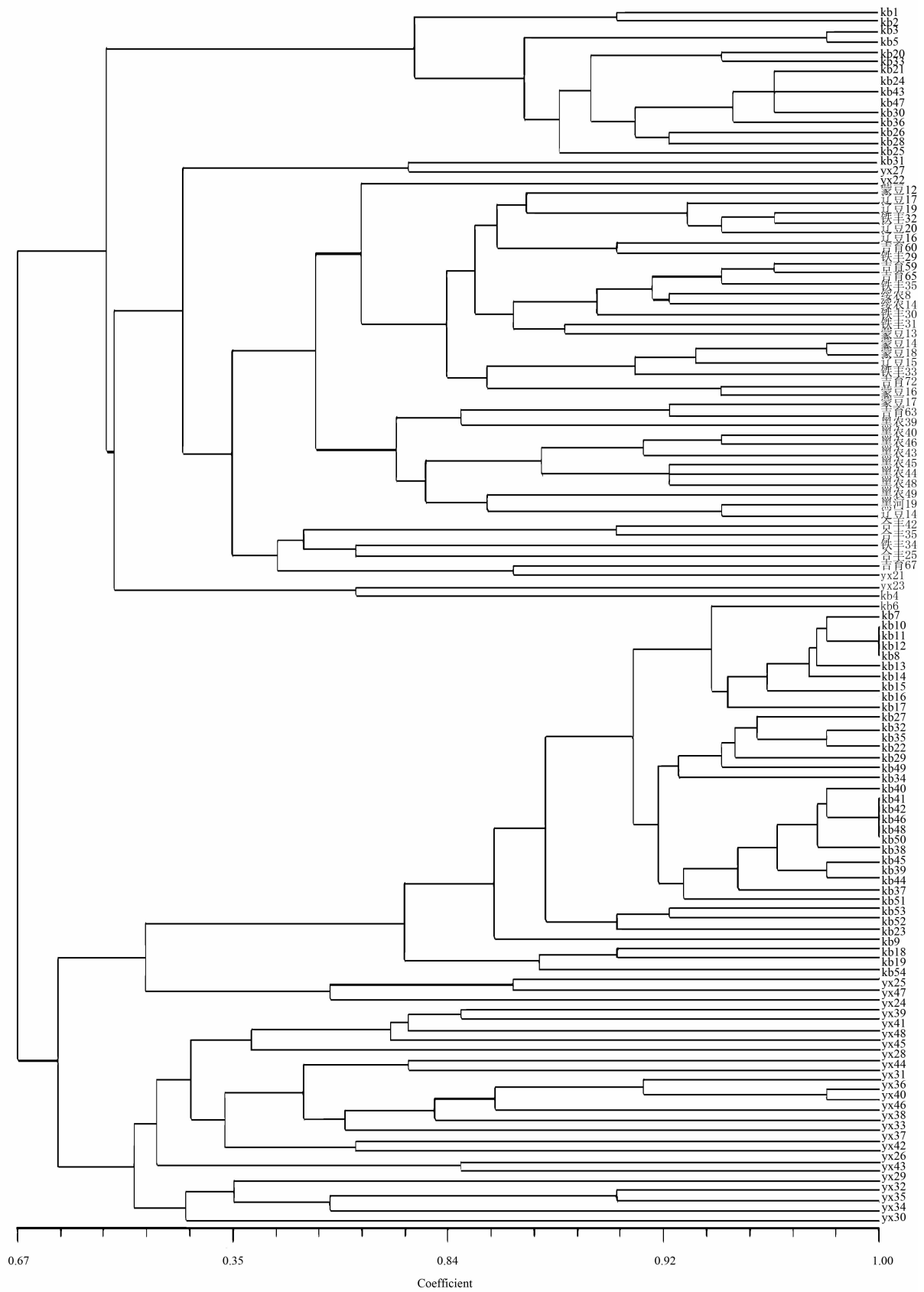


图3 供试材料分析聚类图  
Fig.3 Dendrogram of soybean accession on SSR data

用 SSR 对 190 份中国栽培大豆的研究发现,至少需要 570 个等位变异或 50 个 SSR 位点才能准确反映中国栽培大豆间的遗传关系。本试验采用 12 对引物在 121 份材料中共检测到 50 个等位变异,组内遗传关系最近的材料的相似系数为 1,因此,对于遗传关系较远的材料,用较少的标记即可将其区分开,而对于遗传关系很近的材料,则需要更多的标记才能将其区分开来。

根据 SSR 分析得到的数据,计算了 121 份大豆种质之间的遗传相似系数及遗传距离,野生大豆和栽培大豆的平均遗传距离分别为 0.2595 和 0.1895,略高于庄炳昌(2000)得到的结果,野生大豆和栽培大豆的平均遗传距离分别为 0.176 和 0.150,其原因可能与试验所用的材料及 SSR 引物的多态性有关。

研究结果表明,在 121 份大豆种质中,野生大豆的遗传多样性大于栽培大豆的遗传多样性,其结果为选取异地材料或野生大豆做亲本改良栽培大豆提供分子生物学证据。

#### 4 结论

利用 SSR 分子标记技术对 121 份大豆种质材料进行遗传多样性分析,12 对引物共检测到 50 个等位基因,每个位点 2~7 个,平均 4.17 个,平均多态性信息量为 0.595。在遗传相似系数 0.734 处,野生大豆和栽培大豆被明显的分开,与以往大豆属 *Soja* 亚属的形态学分类结果相一致,为野生大豆和栽培大豆分为两个种提供了分子水平上的依据。野生大豆和栽培大豆的平均遗传距离分别为 0.2595 和 0.1895,表明野生大豆的多态性比栽培大豆丰富,因此,可以利用俄罗斯和东北地区的野生大豆特有等位变异来扩大东北栽培大豆遗传多样性,进而拓宽东北大豆遗传基础。

#### References

- Gai J Y, and Cui Z L. 1994. Ancestral analysis of soybean cultivars released in china. *Journal of Nanjing Agricultural University*, 17(3): 19-23(盖钧镒,崔章林. 1994. 中国大豆育成品种亲本分析. 南京农业大学学报, 17(3): 19-23)
- Guan R X. 2004. QTL mapping of soybean agronomic characters and genetic diversity analysis of soybean cultivars from China and Japan. *Chinese Academy of Agriculture Sciences Post Doctoral Working Report*, pp. 43-63(关荣霞. 2004. 大豆重要农艺性状的 QTL 定位及中国大豆与日本大豆的遗传多样性分析. 中国农业科学院博士后研究报告, pp. 43-63)
- Hai L, Wang K J, and Yang K. 2002. Genetic diversity of semi-wild soybean using SSR marker. *Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica*, 22(4): 751-757(海林,王克晶,杨凯. 2002. 半野生大豆种质资源 SSR 位点遗传多样性分析. 西北植物学报, 22(4): 751-757)
- Rongwen J, Akkayam M S, Bhagwat A A, Lavi U, and Cregan P B. 1995. The use microsatellite DNA markers for soybean genotype identification. *Theoretical and Applied Genetics*, 90(1): 43-48
- Rogers S O, and Bendich A L. 1994. Extraction of total cellular DNA from plants, algae and fungi. In: Gelvin S B, and Schilperoort A R. (eds). *Plant Molecular Biology Manual*. 2nd ed. Dordrecht, The Netherlands, Kluwer press
- Wang B, Chang R Z, Tao L, Guan R X, Yan L, Zhang M H, Feng Z F, and Qiu L J. 2003. Identification of SSR primer number for analyzing genetic diversity of Chinese cultivated soybean. *Molecular Plant Breeding*, 1(1): 82-88(王彪,常汝镇,陶莉,关荣霞,闫丽,张明恢,冯忠孚,邱丽娟. 2003. 分析中国栽培大豆遗传多样性所需 SSR 引物的数目. 分子植物育种, 1(1): 82-88)
- Wu X L, He C Y, Chen S Y, Zhuang B C, Wang K J, and Wang X C. 2001. Phylogenetic Analysis of interspecies in Genus *Glycine* through SSR marker. *Acta Genetics Sinica*, 28(4): 359-366(吴晓雷,贺超英,陈受宜,庄炳昌,王克晶,王学臣. 2001. 用 SSR 分子标记研究大豆属种间亲缘进化关系. 遗传学报, 28(4): 359-366)
- Zhao H K, Wang Y M, Li Q Y, Zhang M, and Zhuang B C. 2001. SSR analysis of wild soybean (*G. soja*) and cultivated soybean from different latitude in China. *Soybean Science*, 20(3): 171-176(赵洪锬,王玉民,李启云,张明,庄炳昌. 2001. 中国不同纬度野生大豆和栽培大豆 SSR 分析. 大豆科学, 20(3): 171-176)
- Zhou R, Zhang X J, Wang X Z, Sha A H, and Zhou X A. 2006. Genetic diversity of soybean germplasm from Hubei province in China by SSR. *Soybean Science*, 25(3): 212-217(周蓉,张小娟,王贤智,沙爱华,周新安. 2006. 湖北省大豆种质资源的遗传多样性分析. 大豆科学, 25(3): 212-217)
- Zhuang B C. 2000. Genetic diversity of wild soybean in China and QTL mapping of quality traits. Dissertation for Ph D, China Agricultural University, Supervisor: Wang X K, pp. 38-41(庄炳昌. 2000. 中国野生大豆的遗传多样性及品质性状的 QTL 定位, 博士学位论文, 中国农业大学, 导师: 王象坤, pp. 38-41)