

# 大豆异地衍生 RIL 群体部分质量性状的自然选择效应

李永春<sup>1</sup>, 邢 邶<sup>1</sup>, 徐 冉<sup>2</sup>, 盖钧镒<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>南京农业大学大豆研究所,国家大豆改良中心,作物遗传与种质创新国家重点实验室,江苏 南京 210095; <sup>2</sup>山东省农业科学院作物研究所,山东 济南 250100)

**摘要:**粒形、粒色、种脐色、茸毛色等质量性状是代表大豆进化程度的指标。以 Peking × 7605、RN-9 × 7605 两个组合分别在南京和济南衍生的 RIL 群体为材料,通过比较同一杂交组合在两地衍生群体部分质量性状的表型差异,鉴别大豆部分质量性状在不同生态环境条件下的自然选择效应。结果表明:Peking × 7605 组合在南京和济南衍生的两个群体 4 个质量性状均表现出显著差异,且除茸毛色外其他 3 个性状的差异均达到极显著水平,说明 4 个质量性状均发生了明显的自然选择。RN-9 × 7605 组合在两地衍生的群体除粒形表现差异极显著外,其余 3 个性状则没有明显差异,说明只有粒形发生了明显的自然选择。并利用 Shannon-weaver 信息指数和 Simpson 指数对两个群体 4 个质量性状的遗传多样性情况进行了评价,结果显示群体的遗传多样性高低因杂交组合和考察性状而异。

**关键词:**大豆;质量性状;自然选择;重组自交系群体;遗传多样性

**中图分类号:**S565.1      **文献标识码:**A      **文章编号:**1000-9841(2008)04-0551-05

## Effects of Natural Selection on Partial Qualitative Traits of RIL Populations Developed under Two Ecological Sites Derived from the Combinations of Peking × 7605 and RN-9 × 7605

LI Yong-chun<sup>1</sup>, XING Han<sup>1</sup>, XU Ran<sup>2</sup>, GAI Jun-yi<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>Soybean Research Institute of Nanjing Agricultural University, National Center for Soybean Improvement, National Key Laboratory for Crop Genetics and Germplasm Enhancement, Nanjing 210095, Jiangsu; <sup>2</sup>Crops Institute, Shandon Academy of Agricultural Sciences, Jinan 250100, Shandong, China)

**Abstract:**Qualitative traits such as seed shape, seed color, hilum color and pubescence color are representative characteristic of evolution extent of soybean. The objective of this study was to reveal that whether there are differences in genetic diversity between two RIL populations derived from the same soybean hybrid combination under two ecological sites. Four RIL population derived from cross of Peking 7605 and RN-9 7605, developed in Nanjing and Jinan, were adopted. The natural selection effect on part of qualitative traits was distinguished by comparing the difference of its phenotype. When these four RIL populations were planted in Jinan, significant difference were detected for seed shape, seed color, hilum color, and pubescence color on soybean in the two population derived from cross of Peking × 7605, so did the seed shape in the other two populations derived from cross of RN-9 × 7605. Furthermore, genetic diversity of the four populations was evaluated for these qualitative traits by Shannon-weaver index and Simpson index, the results showed that diversity was varied with hybrid combination and traits.

**Key words:**Soybean; Qualitative Traits; Natural selection; Recombinant Inbred Lines(RILs); Genetic diversity

质量性状在相对性状间呈现非连续变异,遗传上由一个或少数几个效应大的基因(或称主基因)决定,受环境影响较小,因而能对群体内的各个体进行明确的分类<sup>[1]</sup>。大豆的粒形、粒色、种脐色、茸毛色都属于这类性状,且它们是代表大豆进化程度的

指标。粒色、种脐色及茸毛色深是大豆较为原始的类型。一般来讲,随着生育条件由好变差,大豆的种粒变小,颜色也变深<sup>[2]</sup>。自然选择学说与现代遗传学的基因学说认为,突变、自然选择和隔离是物种形成的三个基本环节,而其中的自然选择起着调节基

因频率的作用<sup>[3]</sup>。现代分子生物学的发展,使得利用分子标记可以直接精确地检测作物群体等位基因的遗传变异,因而成为遗传多样性分析的主流。但在材料较多的情况下,利用表型进行群体遗传结构和遗传多样性的研究与分子标记相比依然是十分重要且经济有效的方法<sup>[4]</sup>。以同一杂交组合在两地衍生的重组自交系群体为材料,鉴别大豆部分质量性状不同生态环境条件下的自然选择效应。并参考文献中报道的方法<sup>[5-6]</sup>,使用 Shannon-Wiener 多样性指数( $H'$ )和 Simpson 指数来比较同一杂交组合在两地衍生为 RIL 群体后,其质量性状在表型多样性方面的差异。从自然选择的角度明确上述质量性状的遗传演化趋势,研究上述各性状的多样性和基因分布频率的平衡性,为重组自交系群体构建提供理论依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 供试材料

供试材料为南京农业大学国家大豆改良中心提供的 NJ(RN)P7、JN(RN)P7 和 NJ(RN)R7、JN(RN)R7 4 个重组自交系群体。以 Peking、RN-9、7605 为亲本,分别配制组合 Peking × 7605、RN-9 × 7605,用  $F_2$  衍生家系法培育 RIL 群体。在济南配制杂交组合后,  $F_2$  世代种子一分为二, 分别在南京和济南种植并衍生为 RIL 群体。群体构建方法参见王宏林的方法,两地使用的方法一致<sup>[7]</sup>。Peking × 7605 组合在南京和济南衍生的群体编号分别为 NJ(RN)P7、JN(RN)P7, 家系数分别为 217 和 248 份; RN-9 × 7605 组合在南京和济南衍生的群体编号分别为 NJ(RN)R7、JN(RN)R7, 家系数为 203 和 216 份。NJ(RN)P7、NJ(RN)R7 群体家系的世代为  $F_{2:8-11}$ , JN(RN)P7、JN(RN)R7 群体家系的世代为  $F_{2:7-9}$ 。

### 1.2 田间试验及质量性状考察

2005 年在山东省农科院作物所试验地进行田

表 1 2 个组合衍生的 4 个群体粒形的表现与差异

Table 1 Performance and significant test for seed shape of four populations derived from two cross at Nanjing and Jinan

组合 Combination	群体 Population	材料数 Number	圆形 Round	椭圆形 Oval	扁椭圆形 Flat oval	长椭圆形 Ellipse	$\chi^2$
Peking × 7605	NJ(RN)P7	215	5(2.33%)	31(14.42%)	121(56.28%)	58(26.98%)	75.42 **
	JN(RN)P7	247	29(11.74%)	103(41.70%)	95(38.46%)	20(8.10%)	
RN-9 × 7605	NJ(RN)R7	203	5(2.46%)	38(18.72%)	139(68.47%)	21(10.34%)	16.51 **
	JN(RN)R7	216	11(5.09%)	70(32.41%)	107(49.54%)	28(12.96%)	

df = 3,  $\chi^2_{0.05} = 7.81$ ,  $\chi^2_{0.01} = 11.34$

间试验,于正常季节将 NJ(RN)P7、NJ(RN)R7 和 JN(RN)P7、JN(RN)R7 4 个群体的家系及亲本一起播种。采用随机区组设计,2 次重复,顺序排列,条播,行长 2m,常规栽培管理。

收获时四个群体每家系各取 10 株室内考种,调查粒形、粒色、种脐色、茸毛色。考察记载时参照 2005 年国家大豆品种区域试验调查项目及标准。

### 1.3 统计分析

将对比的基数抽象化为 100 而计算出来的相对数,用“%”表示。采取对性状的百分数统计,以此来说明某一性状出现的几率。质量性状的频率分布进行  $\chi^2$  测验<sup>[8-9]</sup>。

### 1.4 遗传多样性指数计算

利用 Shannon-Weaver 信息指数和 Simpson 指数来衡量群体遗传多样性大小<sup>[10]</sup>。Shannon-weaver 遗传多样性指数 (Shannon-weaver index of genetic diversity) 计算公式如下:

$$H' = -\sum p_i \ln p_i$$

其中  $p_i$  为某一性状第  $i$  级别内材料份数占总份数的百分比。

Simpson 指数 (Simpson index, D) 即离散度,表示群体内各种类型(等位基因)频率的变异。计算公式如下:

$$D = 1 - \sum p_i^2$$

其中  $p_i$  为某一性状第  $i$  级别内材料份数占总份数的百分比。

使用 Excel 计算各质量性状的遗传多样性指数。 $H'$  值低表明遗传多样性匮乏和基因分布频率不平衡<sup>[4,11]</sup>。

## 2 结果与分析

### 2.1 异地衍生重组自交系群体主要质量性状的表现与差异

#### 2.1.1 粒形 如表 1 所示, Peking × 7605 组合衍生

表 1 2 个组合衍生的 4 个群体粒形的表现与差异

的两个群体粒形的表现有所差异。NJ(RN)P7 群体在粒形表现上以扁椭圆形所占比例最大,而圆形最少。JN(RN)P7 群体中则以椭圆形所占比例最大,长椭圆形最少。RN-9×7605 组合衍生的两个群体粒形在比例分布上则有接近的趋势。 $\chi^2$  测验表明 Peking × 7605 组合两地衍生的群体在粒形表现上差异达到极显著的水平,RN-9×7605 组合衍生的两个群体亦是如此。

表 2 2 个组合衍生的 4 个群体粒色的差异与表现

Table 2 Performance and significant test for seed color of four populations derived from two cross at Nanjing and Jinan

组合 Combination	群体 Population	材料数 Number	黑 Black	黄 Yellow	褐 Brown	青 Cyan	$\chi^2$
Peking × 7605	NJ(RN)P7	215	106(49.30%)	54(25.12%)	43(20.0%)	12(5.58%)	29.43 **
	JN(RN)P7	247	68(27.53%)	94(38.06%)	49(19.84%)	36(14.57%)	
RN-9×7605	NJ(RN)R7	203	62(30.54%)	86(42.36%)	34(16.75%)	21(10.34%)	2.58
	JN(RN)R7	216	52(24.07%)	95(43.98%)	41(18.98%)	28(12.96%)	

$df = 3, \chi^2_{0.05} = 7.81, \chi^2_{0.01} = 11.34$

2.1.3 种脐色 从表 3 可以看出,Peking × 7605 组合衍生的两个群体在种脐色表现上有所差异,黑种脐在两个群体中都居最高比例,而在 NJ(RN)P7 群体中淡褐所占比例最低且各种脐色间比例差异较大,JN(RN)P7 群体中深褐色种脐所占比例最低但

2.1.2 粒色 由表 2 看见,Peking × 7605 衍生的两个群体在粒色表现上不尽一致,NJ(RN)P7 群体中所占比例最高的为黑色种皮,而 JN(RN)P7 群体中所占比例最高的则为黄色种皮。RN-9×7605 组合衍生的两个群体的种皮色比例分布则大致相当。 $\chi^2$  测验表明 Peking × 7605 组合两地衍生的群体在籽粒颜色表现差异极显著,而 RN-9×7605 组合衍生的两个群体的粒色则未表现出明显差异。

表 3 2 个组合衍生的 4 个群体种脐色的表现与差异

Table 3 Performance and significant test for hilum color of four populations derived from two cross at Nanjing and Jinan

组合 Combination	群体 Population	材料数 Number	淡褐 Hazel	褐 Brown	深褐 Puce	黑 Black	$\chi^2$
Peking × 7605	NJ(RN)P7	215	22(10.23%)	29(13.49%)	51(23.72%)	113(52.56%)	28.35 **
	JN(RN)P7	247	53(21.46%)	62(25.10%)	52(21.05%)	80(32.39%)	
RN-9×7605	NJ(RN)R7	203	35(17.24%)	46(22.66%)	48(23.65%)	74(36.45%)	2.66
	JN(RN)R7	216	36(16.67%)	42(19.44%)	66(30.56%)	72(33.33%)	

$df = 3, \chi^2_{0.05} = 7.81, \chi^2_{0.01} = 11.34$

2.1.4 茸毛色 从表 4 可以看出,Peking × 7605 组合衍生的两个群体棕色茸毛比例较灰色茸毛都要高,只是 NJ(RN)P7 群体中二者分布频率相差较大。RN-9×7605 组合衍生的两个群体同样是棕色

各色所占比例差异不大。RN-9×7605 组合衍生的两个群体种脐色表现趋势基本一致。 $\chi^2$  测验表明 Peking × 7605 组合两地衍生的群体种脐色表现出极显著差异,RN-9×7605 组合衍生的两个群体在种脐色表现上则没有明显差异。

表 4 2 个组合衍生的 4 个群体茸毛色的表现与差异

Table 4 Performance and significant test for pubescence color of four populations derived from two cross at Nanjing and Jinan

组合 Combination	群体 Population	材料数 Number	灰 Gray	棕 Brown	$\chi^2$
Peking × 7605	NJ(RN)P7	215	87(40.47%)	128(59.53%)	4.04 *
	JN(RN)P7	247	123(49.80%)	124(50.20%)	
RN-9×7605	NJ(RN)R7	203	100(49.26%)	103(50.74%)	0.64
	JN(RN)R7	216	98(45.37%)	118(54.63%)	

$df = 1, \chi^2_{0.05} = 3.84, \chi^2_{0.01} = 6.63$

茸毛频率较高,但二个群体比例相差接近。 $\chi^2$  测验表明 Peking × 7605 组合衍生的两个群体茸毛色表现有显著差异,RN-9×7605 组合衍生的两个群体中,该性状差异不显著。

表 4 2 个组合衍生的 4 个群体茸毛色的表现与差异

Table 4 Performance and significant test for pubescence color of four populations derived from two cross at Nanjing and Jinan

组合 Combination	群体 Population	材料数 Number	灰 Gray	棕 Brown	$\chi^2$
Peking × 7605	NJ(RN)P7	215	87(40.47%)	128(59.53%)	4.04 *
	JN(RN)P7	247	123(49.80%)	124(50.20%)	
RN-9×7605	NJ(RN)R7	203	100(49.26%)	103(50.74%)	0.64
	JN(RN)R7	216	98(45.37%)	118(54.63%)	

$df = 1, \chi^2_{0.05} = 3.84, \chi^2_{0.01} = 6.63$

## 2.2 主要质量性状的遗传多样性指数

利用Shannon-weaver信息指数和Simpson指数对4个质量性状的遗传多样性情况进行了评价,结果列于表5。从表中可见,Peking×7605组合衍生的两个群体中,JN(RN)P7群体4个性状的两项遗传多样性指数均高于NJ(RN)P7,说明就考察的4

个性状而言,济南衍生的群体遗传多样性更丰富。对RN-9×7605组合而言,JN(RN)R7群体粒形和粒色的遗传多样性指数都高于NJ(RN)R7群体,而种脐色和茸毛色的遗传多样性指数则都是NJ(RN)R7群体相对较高,可见群体的遗传多样性因考察性状而异。

表5 质量性状遗传多样性指数

Table 5 Genetic diversity index of qualitative characters

组合 Combination	群体 Population	材料数 Number	粒形 Seed shape		粒色 Seed color		种脐色 Hilum color		茸毛色 Pubescence color	
			H'	S	H'	S	H'	S	H'	S
Peking×7605	NJ(RN)P7	215	1.0438	0.5891	1.1786	0.6507	1.1828	0.6388	0.6749	0.4818
	JN(RN)P7	247	1.1873	0.6579	1.3243	0.7188	1.3704	0.7417	0.6931	0.5
RN-9×7605	NJ(RN)R7	203	0.8988	0.4848	1.26	0.6885	1.3483	0.7301	0.693	0.4999
	JN(RN)R7	216	1.1295	0.6302	1.2843	0.6958	1.3455	0.7299	0.6888	0.4957

H'为Shannon-weaver指数;S为Simpson指数。

H'is Shannon-weaver index and S is Simpson index.

## 3 讨论

### 3.1 异地衍生重组自交系群体主要质量性状的自然选择效应

Peking×7605组合在南京和济南衍生的两个群体4个质量性状均表现出显著差异,且除茸毛色外其他3个差异均达到极显著水平,说明这4个质量性状均发生了明显的自然选择。RN-9×7605组合在两地衍生的群体除粒形表现差异极显著外,其余3个性状则没有明显差异,说明只有粒形发生了明显的自然选择,其他性状则没有明显的自然选择效应。盖钧镒等研究表明在海南岛进行冬繁一代对一些主要的形态和数量性状未发现有显著的自然选择效应;继续进行春繁一代时自然选择作用有使主茎节数少量下降的可能,其他性状则未发现显著的自然选择效应<sup>[12]</sup>。而本结果则表明部分质量性状存在自然选择效应,但存在自然选择效应的性状因杂交组合而异。

### 3.2 亲本间的遗传差异与自然选择效应

试验中所考察性状的自然选择效应因杂交组合而异。两个组合中父本均为7605,该品种为山东省地方品种;而母本分别为Peking和RN-9,Peking为黑皮半野生大豆,RN-9即假黄豆来源为山东地方品种。就遗传背景差异而言,Peking×7605组合两亲本之间的差异要大于RN-9×7605组合。结果表明,Peking×7605组合4个质量性状均发生了明显

的自然选择,RN-9×7605组合只有粒形有明显的自然选择效应,可见杂交组合部分质量性状发生自然选择的程度与亲本之间遗传差异呈正向相关。

### 3.3 自然选择与群体遗传多样性

Peking×7605组合在南京和济南衍生的两个群体4个质量性状均有明显的自然选择效应,相对应JN(RN)P7群体4个性状的遗传多样性指数都较NJ(RN)P7要大,自然选择作用使得两个具用共同亲本的群体家系遗传多样性有所差异,比较而言济南衍生的群体具有更高的遗传多样性。而就RN-9×7605组合在两地衍生的群体来说,粒形和粒色两个性状济南衍生的群体遗传多样性高于南京衍生的群体,而种脐色和茸毛色则是前者低于后者。自然选择是改变群体构成的主要原因之一<sup>[1,13]</sup>,此研究也在一定程度上反映了自然选择改变了群体的遗传结构并最终对群体内家系的遗传多样性产生了影响。但上述质量性状的遗传多样性指数在群体间的差异均未达到显著水平,故仅从形态数据计算的遗传多样性指数尚不足以说明自然选择对群体遗传多样性产生的影响。

## 参考文献

- [1] 刘祖洞. 遗传学[M]. 北京:高等教育出版社, 1991; 309-333.  
(Liu Z D, Genetics [M]. Beijing: Higher Education Press, 1991: 309-333.)
- [2] 王连铮,王金陵. 大豆遗传育种学[M]. 北京:科学出版社, 1992. (Wang L Z, Wang J L. Soybean genetics and breeding [M].)

- Beijing: Science Press, 1992.)
- [3] 沈银柱. 进化生物学 [M]. 北京: 高等教育出版社, 2002. ( Shen Y Z. Evolutionary biology [ M ]. Beijing: Higher Education Press, 2002. )
- [4] 金伟栋, 洪德林. 太湖流域粳稻地方品种遗传多样性研究 [J]. 生物多样性, 2006, 14(6): 479-487. ( Jin W D, Hong D L. Genetic diversity in japonica rice landraces (*Oryza sativa*) from the Taihu Lake region [ J ]. Biodiversity Science, 2006, 14(6): 479-487. )
- [5] 刘长友, 程须珍, 王素华, 等. 中国绿豆种质资源遗传多样性研究 [J]. 植物遗传资源学报, 2006, 7(4): 459-463. ( Liu C Y, Cheng X Z, Wang S H, et al. The Genetic Diversity of Mungbean Germplasm in China [ J ]. Journal of Plant Genetic Resources, 2006, 7(4): 459-463. )
- [6] 林凡云, 邱丽娟, 常汝镇, 等. 山西省大豆地方品种与选育品种农艺性状及标记遗传多样性比较分析 [J]. 中国油料作物学报, 2003, 25(3): 24-29. ( Lin F Y, Qiu L J, Chang R Z, et al. Genetic diversity of landrace and bred varieties of soybean in Shanxi [ J ]. Chinese Journal of Oil Crop Sciences, 2003, 25(3): 24-29. )
- [7] 王宏林. 大豆重组自交系群体的构建、鉴定及其主要农艺性状 QTL 定位的研究 [D]. 南京: 南京农业大学, 2001. ( Wang H L. Establishment and characterization of RIL populations and their application in mapping QTL for main agronomic traits in soybeans [ D ]. Nanjing: Nanjing Agricultural University, 2001. )
- [8] 盖钧镒. 试验统计方法 [M]. 北京: 中国农业出版社, 2001. ( Gai J Y. Methods of experimental statistics [ M ]. Beijing: China Agricultural Press, 2001. )
- [9] 李春喜, 姜丽纳, 邵云, 等. 生物统计学 [M]. 北京: 科学出版社, 2005. ( Li C X, Jiang L N, Shao Y, et al. Biostatistics [ M ]. Beijing: Science Press, 2005. )
- [10] Maughan P J, Saghai M A, Buss G R. Microsatellite and amplified sequence length polymorphisms in cultivated and wild soybean [J]. Genome, 1999, 38: 715-723.
- [11] 崔艳华, 邱丽娟, 常汝镇, 等. 黄淮夏大豆 (*G. max*) 初选核心种质代表性检测 [J]. 作物学报, 2004, (3): 284-288. ( Cui Y H, Qiu L J, Chang R Z, et al. Representative test for primary core collection of summer sowing soybeans in Huanghuai Region of China [ J ]. Acta Agronomica Sinica, 2004, 30(3): 284-288. )
- [12] 盖钧镒, 刘佑斌, 赵团结. 关于大豆在海南岛冬春加代的自然选择效应 [J]. 中国油料, 1997, 19(3): 23-25. ( Gai J Y, Liu Y B, Zhao T J. The natural selection effect in soybean due to the winter and spring nursery conditons of Hainan island [ J ]. Chinese Journal of Oil Crop Sciences, 1997, 19(3): 23-25. )
- [13] 盖钧镒. 植物种质群体遗传结构改变的测度 [J]. 植物遗传资源学报, 2005, 6(1): 1-8. ( Gai J Y. Indicators related to genetic structure changes of plant germplasm population [ J ]. Journal of Plant Genetic Resources, 2005, 6(1): 1-8. )

## TFC 系列土壤化肥速测仪 QSY 凯氏定氮仪

北京强盛分析仪器制造中心是国家投资、团中央创办的高新科技企业(0120663F), 中心技术力量雄厚, 产品自 1993 年至今一直被列入农业部推广项目。

仪器每次可同时测试多个样品, 几滴药水十几分钟即可快速测定土壤、肥料、植株中氮、磷、钾、有机质、酸碱度、可溶性盐、腐质酸含量, 识字即可操作, 成本不到一元钱, 田间地头随处可用。2004 年最新开发的 203 系列产品, 大屏幕液晶中文菜单显示操作流程、测试状态、测试结果, 可直接打印测试数据; 仪器留有“升级”串行接口, “升级”后可以与计算机连接, 并安装《土壤测试及配方施肥系统》软件, 在计算机上对几十种农作物进行配方施肥计算, 将结果存档、打印、发送电子邮件, 实现信息化管理。另有 TFC-ZNS 型, 1B 系列土肥测试仪。

凯氏定氮仪采用国际通用凯氏法主要测定土壤植株中氮含量。

该中心设有技术培训部, 专家咨询热线, 常年免费讲授测土配肥技术, 随到随学, 有专人负责售后服务。产品终身维修, 自售出之日起一年内有质量问题以旧换新。

**通讯地址:**北京市前门东大街前门外外国语学校内  
(团中央大楼西侧)

**办公地址:**北京市前门东大街甲 12 号  
**邮编:**100051   **网址:**[www.qstry.com](http://www.qstry.com)  
**电话:**(010)67033803 67025912  
**传真:**(010)65114456

