



# 黄淮海夏大豆(南片)品种(系)农艺性状的综合分析及评价模型构建

咎凯,陈亚光,申为民,徐淑霞,周青,王凤菊,郭海芳,李明军

(安阳市农业科学院/河南省优质大豆改良工程技术研究中心,河南 安阳 455000)

**摘要:**为全面、准确综合评价黄淮海夏大豆(南片)品种(系)的农艺性状,构建大豆品种(系)的综合评价体系,本研究利用因子分析、DTOPSIS法、聚类分析和回归分析等多元分析方法,对2019—2021年黄淮海夏大豆(南片)区试中完成两年试验的37份品种(系)的15个性状进行综合分析评价。结果表明:37份大豆品种(系)的15个农艺性状变异系数为2.4%~53.0%,花叶病毒病变异系数最大,其次为有效分枝数,生育期变异系数最小;相关分析表明15个农艺性状间存在复杂的相关性,因子分析将15个性状转化为5个主因子,累计贡献率达77.973%。采用DTOPSIS法计算品种(系)综合评价值( $C_i$ 值),对 $C_i$ 值进行聚类分析,将37份品种(系)划分为3个类群,每个类群具有不同的优势性状。通过逐步回归分析建立大豆品种(系)综合评价模型: $C_i = 0.484 + 0.033X_3 + 0.027X_4 + 0.067X_7 + 0.011X_{11} + 0.034X_{14}$ , ( $R^2 = 0.9550$ ,  $F = 132.027$ ,  $P < 0.0001$ ),该模型可用于黄淮海夏大豆品种(系)的综合评价,为育种家选育高产优质大豆品种提供参考。

**关键词:**大豆;黄淮海地区;因子分析;DTOPSIS分析;回归分析;综合评价

## Comprehensive Analysis of Agronomic Characters of Summer Sowing Soybean Varieties (Lines) in Huang-Huai-Hai Region (South) and Constructing A Comprehensive Evaluation Model

ZAN Kai, CHEN Ya-guang, SHEN Wei-min, XU Shu-xia, ZHOU Qing, WANG Feng-ju, GUO Hai-fang, LI Ming-jun

(Anyang Academy of Agricultural Sciences/High Quality Soybean Improvement Engineering Technology Research Center of Henan Province, Anyang 455000, China)

**Abstract:** In order to comprehensively and accurately evaluate the agronomic traits of summer soybean varieties (lines) in the Huang-Huai-Hai region (south), and to construct a comprehensive evaluation system for soybean varieties (lines), multivariate analysis methods such as factor analysis, DTOPSIS method, cluster analysis and regression analysis were used to analyze 15 characters of 37 varieties (lines) which accomplished the two-year regional trials in the Huang-Huai-Hai (south) summer soybean regional test from 2019 to 2021. The results showed that the variations of 15 agronomic characters of 37 soybean varieties (lines) was 2.4%-53.0%, the variation of mosaic virus disease was the largest, followed by numbers of effective branches, and the variation of growth period was the smallest. Correlation analysis revealed complex correlations among the tested 15 agronomic traits, factor analysis transformed 15 traits into 5 main factors, with a cumulative contribution rate of 77.973%. The DTOPSIS method was used to calculate the comprehensive evaluation value ( $C_i$  value) of the 37 varieties (lines), and the cluster analysis suggested 3 groups in 37 soybean varieties (lines), each group had different dominant characters. Based on the  $C_i$  value, a comprehensive evaluation model of soybean varieties (lines) was established by stepwise regression analysis:  $C_i = 0.484 + 0.033X_3 + 0.027X_4 + 0.067X_7 + 0.011X_{11} + 0.034X_{14}$ , ( $R^2 = 0.9550$ ,  $F = 132.027$ ,  $P < 0.0001$ ). This model can be used for the comprehensive evaluation of soybean varieties (lines) in the Huang-Huai-Hai region, thus to provide a reference for breeders to select high-yield and high-quality soybean varieties.

**Keywords:** soybean; Huang-Huai-Hai region; factor analysis; DTOPSIS analysis; stepwise regression analysis; comprehensive evaluation

黄淮海地区是我国大豆生产的第二大主产区,在提高我国大豆自给率,减少对进口大豆依赖,保障国家粮食安全方面具有重要地位。为了促进黄淮海地区大豆产业的发展,国家设置了黄淮海夏大豆品种区域试验,并根据大豆种植区划和各种植区域的生态条件、生产实际等因素划分为北片、中片

和南片3个成熟期组,用于鉴定、筛选适合不同地区种植的大豆新品种,是新品种审定和推广不可或缺的一环。参试品种(系)的综合农艺性状是黄淮海地区大量育种家多年育种经验的综合,同时也反映了育种家对黄淮海地区大豆发展趋势的把握,对参试品种(系)的农艺性状进行综合分析和评价,把广

收稿日期:2022-09-15

基金项目:安阳市重点研发与推广专项(2022C01NY008)。

第一作者:咎凯(1988—),硕士,助理研究员,主要从事大豆遗传育种研究。E-mail:zankai163@163.com。

通讯作者:申为民(1971—),硕士,副研究员,主要从事大豆遗传育种研究。E-mail:329302914@qq.com。

大育种家的育种经验量化表达,从特殊规律中发现一般规律,是提高育种效率、培育突破性大豆品种重要且有意义的环节。

大豆农艺性状既有多基因控制的数量性状,又有单基因控制的质量性状,类型丰富且相互关联,仅单独关注1个或几个农艺性状都不能对品种(系)作出合理的评价<sup>[1-2]</sup>。目前,大多学者主要利用主成分分析、聚类分析、隶属函数法、DTOPSIS法、灰色关联度分析等方法对大豆种质资源进行综合评价分析<sup>[3-9]</sup>,此类方法在小麦<sup>[10-11]</sup>、玉米<sup>[12-13]</sup>、谷子<sup>[14-15]</sup>、水稻<sup>[16-18]</sup>等作物的综合评价中也有广泛应用<sup>[10-18]</sup>。但学者在对区域试验参试品种(系)农艺性状进行综合分析评价时,大多为以上1~2种方法的组合运用,使用多种相互关联的分析方法对农艺性状进行综合分析的报道相对较少。国家黄淮海夏大豆区域试验中参试品种数量较多,试验点分布广泛,农艺性状数据丰富,仅用相互之间缺少有效联系的个别方法难以达到科学合理综合评价农艺

性状的目的,因此有必要根据多元分析法对黄淮海夏大豆区域试验中参试品种(系)的农艺性状进行综合分析。

本研究采用2019—2021年连续参加国家黄淮海夏大豆南片区域试验中连续两年参加试验的37份大豆品种(系)的15个农艺性状,将变异性分析、相关性分析、因子分析、DTOPSIS法分析、聚类分析、逐步回归等方法相结合,对参试的大豆品种(系)进行表型鉴定分析,构建综合评价模型,以期为黄淮海地区大豆育种者提供快速、准确的评价和分类方法,为今后开展优质高产大豆选育和改良提供参考。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料及数据来源

如表1所示,参试材料为2019—2021年国家黄淮海夏大豆南片品种试验总结中完成两年区域试验的37个品种(系),所用数据为37个品种(系)两年区试农艺性状的平均值。

表1 参试品种(系)  
Table 1 List of tested soybean varieties( lines)

编号 Code	品种(系) Variety( line)	编号 Code	品种(系) Variety( line)	编号 Code	品种(系) Variety( line)	编号 Code	品种(系) Variety( line)
1	郑 1311	11	临豆 11	21	南农 47	31	圣育 6 号
2	濮豆 820	12	圣豆 4 号	22	郟豆 1 号	32	徐 9416-8
3	商豆 1201	13	驻豆 26	23	濮豆 5110	33	邯豆 13
4	中黄 73	14	徐 0112-24	24	兴农 2 号	34	菏豆 37
5	阜 1306	15	山宁 23	25	洛 1305	35	南农 60
6	冀豆 30	16	华豆 22	26	恒豆 6 号	36	中黄 13(A 组)
7	兴豆 6 号	17	安豆 115	27	濮豆 754	37	中黄 13(B 组)
8	周豆 33	18	邯豆 15	28	菏育 10 号		
9	菏豆 36	19	皇豆 12	29	柳豆 108		
10	祥丰 4 号	20	潍豆 1897	30	淮豆 17		

### 1.2 试验设计

试验采用完全随机区组设计,3次重复,7行区,行长6 m,行距0.4 m,株距0.13 m。收获前每个小区连续选取10株进行农艺性状调查,实收中间5行进行测产,计产面积12 m<sup>2</sup>。

### 1.3 农艺性状调查

按照 NY/T1299-2014<sup>[19]</sup>调查农艺性状。在生育期内,调查产量(X<sub>1</sub>)、生育期(X<sub>2</sub>)、株高(X<sub>3</sub>)、底

荚高(X<sub>4</sub>)、主茎节数(X<sub>5</sub>)、有效分枝数(X<sub>6</sub>)、单株荚数(X<sub>7</sub>)、单株粒数(X<sub>8</sub>)、单株粒重(X<sub>9</sub>)、百粒重(X<sub>10</sub>)、粗蛋白含量(X<sub>11</sub>)、粗脂肪含量(X<sub>12</sub>)、SC3病情指数(X<sub>13</sub>)、SC7病情指数(X<sub>14</sub>)和SCN2病情指数(X<sub>15</sub>)等15个性状。由南京农业大学国家大豆改良中心调查统计,大豆花叶病毒病(SMV)和大豆胞囊线虫病(SCN)抗性,每个试验组指定3个试点提供种子样品,由农业农村部谷物品质监督检验测试

中心测定粗蛋白和粗脂肪含量。

1.4 数据分析

利用 Excel 2010 进行数据整理分析,使用 SPSS 20.0 软件进行相关性分析、因子分析、聚类分析和逐步回归分析等。DTOPSIS 法综合评价参试品种(系)的分析程序和公式为<sup>[9]</sup>:

指标权重:  $W_i = P_i / \sum_{i=1}^n P_i, i = 1, 2, 3, \dots, n;$

策矩阵:  $R_i = W_i * X_i;$

对理想解的相对接近度:

$$C_i = \sqrt{\sum_{k=1}^n (R_i - R_{\min})^2} / (\sqrt{\sum_{k=1}^n (R_i - R_{\max})^2} + \sqrt{\sum_{k=1}^n (R_i - R_{\min})^2}).$$

式中:  $W_i$  表示第  $i$  个主成分在所有主成分中的权重,  $P_i$  为第  $i$  个主成分的贡献率;  $R_i$  表示各参试品种(系)在主成分上的加权决策矩阵;  $X_i$  表示参试品种(系)在各主成分上的得分;  $C_i$  值为计算所得的参试品种(系)综合评价值;  $R_{\max}$  和  $R_{\min}$  分别为决策矩阵中参试品种(系)在各主成分上的最大值和最小值。

2 结果与分析

2.1 农艺性状的变异分析

对 37 份参试品种(系)进行变异分析,结果如表 2 所示,考察的 15 个农艺性状表现出不同程度的多样性。SC3( $X_{13}$ )、SC7( $X_{14}$ )和 SCN2( $X_{15}$ )病情指数变异系数均较大,分别为 48.5%、53.0% 和 31.1%,生育期( $X_2$ )变异系数最小,为 2.4%。株高( $X_3$ )、底荚高( $X_4$ )、主茎节数( $X_5$ )和有效分枝数( $X_6$ )等与株型有关的性状变异系数为 8.0% ~ 32.6%,平均变异系数为 18.35%,其中有效分枝数(32.6%)变异系数最大,主茎节数(8.0%)最小。产量构成因素中,单株荚数( $X_7$ )、单株粒数( $X_8$ )、单株粒重( $X_9$ )和百粒重( $X_{10}$ )变异系数为 5.7% ~ 14.5%,平均变异系数为 11.43%,其中单株粒重(5.7%)最小,单株荚数(14.5%)最大。蛋白含量( $X_{11}$ , 4.2%)和脂肪含量( $X_{12}$ , 4.7%)等与品质有关性状的变异系数均较小。表明 37 份参试品种(系)的遗传多样性较高,黄淮海夏大豆南片种质的花叶病毒病和胞囊线虫病抗性、有效分枝数、株高、底荚高、单株荚数、单株粒数、百粒重有一定改良空间,开展品质育种仍需进一步挖掘相关种质资源。

表 2 农艺性状的变异分析			
Table 2 Variable coefficient of agronomic traits			
性状 Trait	平均值 ± 标准差 Mean ± SD	变异范围 Range	变异系数 CV/%
$X_1$ (Y)/(kg·hm <sup>-2</sup> )	2934.2 ± 120.0	2647.5 ~ 3228.0	4.1
$X_2$ (D)/d	99.5 ± 2.4	93.0 ~ 104.0	2.4
$X_3$ (H)/cm	68.9 ± 10.7	49.4 ~ 107.2	15.6
$X_4$ (PH)/cm	16.8 ± 2.9	11.7 ~ 23.6	17.2
$X_5$ (N)	15.2 ± 1.2	13.1 ~ 19.3	8.0
$X_6$ (B)	1.8 ± 0.6	0.7 ~ 3.2	32.6
$X_7$ (PN)	40.3 ± 5.8	30.1 ~ 53.0	14.5
$X_8$ (SN)	83.8 ± 11.5	64.9 ~ 111.7	13.7
$X_9$ (SW)/g	17.2 ± 1.0	15.5 ~ 19.3	5.7
$X_{10}$ (HSW)/g	21.4 ± 2.5	16.4 ~ 26.0	11.8
$X_{11}$ (P)/%	42.1 ± 1.8	38.8 ~ 45.5	4.2
$X_{12}$ (F)/%	20.2 ± 0.9	17.8 ~ 22.0	4.7
$X_{13}$ (SC3)/%	26.6 ± 12.9	0 ~ 44.5	48.5
$X_{14}$ (SC7)/%	28.2 ± 15.0	0 ~ 53.5	53.0
$X_{15}$ (SCN2)/%	122.4 ± 38.1	69.2 ~ 214.5	31.1

注: Y. 产量; D. 生育期; H. 株高; PH. 底荚高; N. 主茎节数; B. 有效分枝数; PN. 单株荚数; SN. 单株粒数; SW. 单株粒重; HSW. 百粒重; P. 蛋白含量; F. 脂肪含量; SC3、SC7、SCN2 分别为 SC3、SC7 和 SCN2 的病情指数。下同。

Note: Y. Yield; D. Growth period; H. Plant height; PH. The lowest pod height; N. Number of main stem nodes; B. Number of effective branches; PN. Pods number per plant; SN. Seeds number per plant; SW. Seeds weight per plant; HSW. 100-seed weight; P. Protein content; F. Fat content; SC3, SC7 and SCN2 represents SC3, SC7 and SCN2 disease index, respectively. The same below.

2.2 相关性分析

对 37 份大豆品种(系)的 15 个性状进行相关性分析,结果表明每个性状均与 1 个或多个性状间存在极显著相关性。产量与单株粒重极显著正相关,而单株粒重与株高、单株荚数和单株粒数极显著正相关,与生育期、底荚高度和主茎节数显著正相关。产量构成要素中,百粒重与单株荚数和单株粒数极显著负相关;品质因素中,蛋白质含量和脂肪含量极显著负相关;对花叶病毒病的抗性方面,SC3 病情指数和 SC7 病情指数极显著正相关(表 3)。通过以上分析可以看出,参试品种(系)性状之间存在复杂的相关关系,性状指标提供的信息间存在重叠,需要进一步利用主成份分析去除重复信息,以简化数据,更科学合理地评价参试大豆品种(系)。

表 3 农艺性状的相关性分析

Table 3 Correlation coefficients of 15 agronomic traits

性状 Trait	X <sub>1</sub> (Y)	X <sub>2</sub> (D)	X <sub>3</sub> (H)	X <sub>4</sub> (PH)	X <sub>5</sub> (N)	X <sub>6</sub> (B)	X <sub>7</sub> (PN)	X <sub>8</sub> (SN)	X <sub>9</sub> (SW)	X <sub>10</sub> (HSW)	X <sub>11</sub> (P)	X <sub>12</sub> (F)	X <sub>13</sub> (SC3)	X <sub>14</sub> (SC7)	X <sub>15</sub> (SCN2)
X <sub>1</sub> (Y)	1														
X <sub>2</sub> (D)	0.106	1													
X <sub>3</sub> (H)	0.056	0.587 **	1												
X <sub>4</sub> (PH)	0.076	0.520 **	0.641 **	1											
X <sub>5</sub> (N)	-0.032	0.524 **	0.852 **	0.467 **	1										
X <sub>6</sub> (B)	-0.011	-0.134	0.245	0.018	0.227	1									
X <sub>7</sub> (PN)	0.221	0.361 **	0.558 **	0.349 *	0.515 **	0.505 **	1								
X <sub>8</sub> (SN)	0.235	0.275 **	0.505 **	0.233	0.488 **	0.429 **	0.912 **	1							
X <sub>9</sub> (SW)	0.665 **	0.342 *	0.469 **	0.373 *	0.389 *	0.197	0.546 **	0.486 **	1						
X <sub>10</sub> (HSW)	0.043	-0.180	-0.383 **	-0.129	-0.413 *	-0.395 *	-0.782 **	-0.908 **	-0.107	1					
X <sub>11</sub> (P)	-0.156	-0.169	0.006	0.233	-0.052	0.046	-0.197	-0.223	-0.048	0.240	1				
X <sub>12</sub> (F)	-0.018	-0.101	-0.067	-0.310	0.052	0.041	-0.125	-0.001	-0.164	-0.131	-0.537 **	1			
X <sub>13</sub> (SC3)	-0.076	-0.202	-0.386 *	-0.083	-0.457 **	-0.076	-0.327 *	-0.379 *	-0.212	0.351 **	0.071	0.102	1		
X <sub>14</sub> (SC7)	-0.008	-0.091	-0.164	0.135	-0.301	0.080	-0.191	-0.214	-0.121	0.213	0.207	-0.033	0.723 **	1	
X <sub>15</sub> (SCN2)	-0.032	0.149	0.284	0.271	0.207	0.051	0.225	0.161	-0.102	-0.208	0.059	-0.193	-0.108	-0.025	1

注：“\*”和“\*\*”分别表示在 0.05 和 0.01 水平相关。

Note: “\*” and “\*\*” indicate correlation is significant at the 0.05 and 0.01 level, respectively.

2.3 因子分析

对 37 个参试品种(系)的 15 个农艺性状进行因子分析,经 KMO 和 Bartlett 球形检验,KMO 值为 0.641>0.60,Bartlett 球形检验  $P<0.01$ ,说明数据适合进行因子分析。按照特征值>1 的原则提取 5 个主成分,特征值分别为 4.987,2.123,1.638,

1.610,1.339,累积贡献率达 77.973%,代表大部分表型性状遗传变异信息,由此将 15 个表型性状转化为 5 个主因子。5 个主因子经方差最大化旋转后,特征值分别为 3.125,3.063,1.963,1.803,1.742,贡献率分别为 20.835%、20.418%、13.085%、12.019%和 11.616%(表 4)。

表 4 主因子特征值及贡献率

Table 4 Eigenvalue and contribution rate of the primary factors

主因子 Primary factor	提取平方和载入 Sum of square load			旋转平方和载入 Sum of rotation square load		
	特征值	贡献率	累计贡献率	特征值	贡献率	累计贡献率
	Eigenvalue	Contribution rate/%	Accumulative contribution rate/%	Eigenvalue	Contribution rate/%	Accumulative contribution rate/%
F1	4.987	33.244	33.244	3.125	20.835	20.835
F2	2.123	14.150	47.395	3.063	20.418	41.253
F3	1.638	10.921	58.316	1.963	13.085	54.338
F4	1.610	10.732	69.048	1.803	12.019	66.357
F5	1.339	8.925	77.973	1.742	11.616	77.973

因子载荷矩阵如表 5 所示,第 1 主因子主要由生育期、株高、底荚高、主茎节数决定,特征值分别为 0.823,0.840,0.793 和 0.751,均与株高有关,故将第 1 主因子称为株高因子。第 2 主因子主要由单株荚数、单株粒数和百粒重决定,特征值分别为 0.825,0.852 和 -0.845,均与产量构成有关,可称为产量构成因子。第 3 主因子主要由 SC3 和 SC7

病情指数构成,特征值分别为 0.881 和 0.933,主要与花叶病毒病抗性有关,可称为花叶病毒病抗性因子。第 4 主因子主要由产量和单株粒重决定,特征值分别为 0.892 和 0.835,由于产量与单株粒重极显著正相关,因此可称为单株粒重因子。第 5 主因子主要由蛋白含量和脂肪含量决定,特征值分别为 0.853 和 -0.858,均与品质有关,故称为品质因子。



表 5 旋转后因子载荷矩阵

Table 5 Rotation of the sub-load matrix

性状 Trait	F1	F2	F3	F4	F5
X <sub>1</sub> (Y)	-0.002	0.039	-0.003	0.892	-0.037
X <sub>2</sub> (D)	0.823	-0.057	-0.074	0.155	-0.136
X <sub>3</sub> (H)	0.840	0.320	-0.166	0.059	0.048
X <sub>4</sub> (PH)	0.793	0.066	0.163	0.105	0.328
X <sub>5</sub> (N)	0.751	0.310	-0.311	-0.028	-0.070
X <sub>6</sub> (B)	-0.092	0.768	0.133	-0.006	0.105
X <sub>7</sub> (PN)	0.370	0.825	-0.151	0.254	-0.006
X <sub>8</sub> (SN)	0.278	0.852	-0.212	0.228	-0.109
X <sub>9</sub> (SW)	0.346	0.247	-0.088	0.835	0.097
X <sub>10</sub> (HSW)	-0.192	-0.845	0.214	0.127	0.205
X <sub>11</sub> (P)	-0.026	-0.094	0.122	-0.133	0.853
X <sub>12</sub> (F)	-0.097	0.025	0.077	-0.111	-0.858
X <sub>13</sub> (SC3)	-0.191	-0.188	0.881	-0.046	-0.072
X <sub>14</sub> (SC7)	-0.014	-0.021	0.933	-0.019	0.105
X <sub>15</sub> (SCN2)	0.351	0.196	-0.028	-0.326	0.233

2.4 综合评价模型构建

2.4.1 DTOPSIS 法综合评价 根据旋转后各主因子对总变异的贡献率,得到 5 个主因子(F1 ~ F5)的权重分别为:0.267 2,0.261 9,0.167 8,0.154 1,0.149 0,以参试品种(系)在 5 个主因子上的因子得分作为基础数据,用 DTOPSIS 法计算每个品种在 5 个主因子上的决策值和综合评价 *Ci* 值如表 6 所示。决策矩阵中某一主因子的决策值越大,说明该主因

子对应的主要农艺性状综合表现越好。以株高因子 F1 为评价指标,则冀豆 30(编号 6)在 F1 上有最大值(0.544 6),说明对冀豆 30 的生育期、株高、底荚高和主茎节数综合表现最好;以产量构成因子 F2 为评价指标,则恒豆 6 号(编号 26)有最大值(0.587 8),说明恒豆 6 号单株荚数和单株粒数综合表现最好;以花叶病毒病抗性因子 F3 为评价指标,则邯豆 13(编号 33)有最小值(-0.284 6),说明邯豆 13 花叶病毒病抗性表现最好;以单株粒重因子 F4 为评价指标,周豆 33(编号 8)有最大值,为 0.312 0,说明周豆 33 单株粒重和产量综合表现最好;以品质因子 F5 为评价指标,徐 0112-24(编号 14)有最大值(0.361 3),蛋白含量最高,邯豆 13 有最小值(-0.240 6),脂肪含量最高。不同品种间综合评价 *Ci* 值差异较大,平均 *Ci* 值为 0.483 9,变异系数为 22.31%,*Ci* 值最大的为郑 1311(0.746 6),最小的为邯豆 13(0.288 9)。

对 *Ci* 值与参试品种(系)的农艺性状进行相关性分析的结果如表 7 所示,产量、蛋白含量、SC7 病情指数与 *Ci* 值正相关但不显著,脂肪含量、SC3 病情指数与 *Ci* 值负相关但不显著,百粒重与 *Ci* 值极显著负相关,SCN2 病情指数与 *Ci* 值显著正相关,其它 8 个性状均与 *Ci* 值极显著正相关,说明 *Ci* 值可以作为参试品种(系)的综合评价依据。

表 6 参试品种(系)的决策矩阵和综合评价 *Ci* 值

Table 6 Decision matrix and comprehensive evaluation value(*Ci*) of tested varieties (lines)

编号 Code	品种(系) Variety(line)	F1	F2	F3	F4	F5	<i>Ci</i> 值 <i>Ci</i> value
1	郑 1311	0.3101	0.3610	0.0531	0.2562	0.1018	0.7466
2	濮豆 820	0.4241	-0.0583	-0.0633	0.1160	0.2295	0.6230
3	商豆 1201	0.3037	0.4658	0.3044	-0.1722	-0.0332	0.6855
4	中黄 73	-0.0737	0.0136	-0.2854	-0.1244	-0.1177	0.3888
5	阜 1306	0.0109	0.2334	-0.1164	-0.1144	0.3199	0.5651
6	冀豆 30	0.5446	0.1848	-0.2594	-0.2176	-0.2244	0.5649
7	兴豆 6 号	0.3319	-0.1778	-0.0908	-0.2088	-0.1539	0.4755
8	周豆 33	0.2177	-0.1339	-0.0316	0.3120	-0.2181	0.5145
9	菏豆 36	0.1501	-0.1603	-0.1947	0.2131	0.0571	0.4939
10	祥丰 4 号	-0.2528	0.1463	-0.2368	0.0801	0.2470	0.4629
11	临豆 11	-0.2885	0.0793	0.2128	-0.0811	-0.0512	0.4332
12	圣豆 4 号	0.0212	0.1187	0.2080	0.1398	0.0433	0.5850
13	驻豆 26	0.0627	0.4582	0.1237	-0.1353	0.1218	0.6397
14	徐 0112-24	0.1836	-0.2612	0.0905	-0.1722	0.3613	0.5112
15	山宁 23	-0.4412	-0.0309	0.1445	-0.1944	-0.0006	0.3458
16	华豆 22	-0.0136	-0.3445	-0.1159	0.1661	0.0581	0.4046
17	安豆 115	0.1974	0.0341	0.0310	0.0123	-0.1054	0.5436
18	邯豆 15	-0.6403	0.3156	-0.0942	0.0725	0.1126	0.4166
19	皇豆 12	0.0665	-0.0504	0.2629	-0.0853	-0.1747	0.4920
编号 Code	品种(系) Variety(line)	F1	F2	F3	F4	F5	<i>Ci</i> 值 <i>Ci</i> value
20	潍豆 1897	0.0364	0.1025	-0.0057	-0.1979	-0.2130	0.4647
21	南农 47	-0.0093	0.3801	0.1226	0.2722	-0.0965	0.6201
22	郟豆 1 号	-0.1908	-0.0996	0.2004	0.2955	-0.0238	0.4671
23	濮豆 5110	0.3050	0.0628	-0.0373	0.0109	-0.0442	0.5807
24	兴农 2 号	-0.3646	-0.1415	0.0147	-0.0592	0.0479	0.3270
25	洛 1305	0.0884	0.0663	-0.2763	-0.0474	-0.0428	0.4751
26	恒豆 6 号	-0.3091	0.5878	-0.2250	0.0829	-0.0704	0.5140
27	濮豆 754	0.3719	-0.0885	0.2061	0.0249	0.0819	0.6087
28	荷育 10 号	0.0282	-0.4905	0.0880	-0.0182	-0.0587	0.3795
29	柳豆 108	-0.0702	0.0960	0.1034	0.1231	-0.1730	0.4947
30	淮豆 17	0.1291	0.0144	-0.0868	-0.0889	0.1419	0.5244
31	圣育 6 号	0.0418	-0.4684	-0.2160	0.0057	0.1240	0.3766
32	徐 9416-8	-0.1385	-0.0158	0.0898	-0.0272	0.0487	0.4514
33	邯豆 13	-0.3111	-0.0894	-0.2846	0.0235	-0.2406	0.2889
34	菏豆 37	0.1072	-0.3612	0.1053	0.0390	0.0735	0.4542
35	南农 60	-0.2683	-0.4644	0.1225	0.0915	-0.1302	0.3077
36	中黄 13(A 组)	-0.2916	-0.1354	0.0684	-0.1864	0.0204	0.3415
37	中黄 13(B 组)	-0.2691	-0.1488	0.0682	-0.2062	-0.0183	0.3361

注:“\*”和“\*\*”分别表示在 0.05 和 0.01 水平相关。

Note:“\*” and “\*\*” indicate correlation is significant at the 0.05 and 0.01 level, respectively.

表 7 *Ci* 值与参试品种(系)农艺性状的相关系数

Table 7 Correlation coefficients between agronomic traits and comprehensive scores

性状 Trait	$X_1(Y)$	$X_2(D)$	$X_3(H)$	$X_4(PH)$	$X_5(N)$	$X_6(B)$	$X_7(PN)$	$X_8(SN)$	$X_9(SW)$	$X_{10}(HSW)$	$X_{11}(P)$	$X_{12}(F)$	$X_{13}(SC3)$	$X_{14}(SC7)$	$X_{15}(SCN2)$
<i>Ci</i>	0.213	0.525**	0.751**	0.720**	0.613**	0.453**	0.785**	0.695**	0.575**	-0.531**	0.106	-0.246	-0.072	0.196	0.344*

2.4.2 聚类分析 基于 *Ci* 值,采用平方欧氏距离 Ward 法进行聚类分析结果如图 1 所示,平方欧氏距离为 5 时,37 份参试品种(系)可分为 3 个类群。第 I 类群有 11 个品种(系),*Ci* 值范围为 0.543 6~0.746 6;

第Ⅱ类群有 15 个品种(系),*Ci* 值范围为 0.433 2~0.524 4;第Ⅲ类群有 11 个品种(系),*Ci* 值范围为 0.288 9~0.416 6。

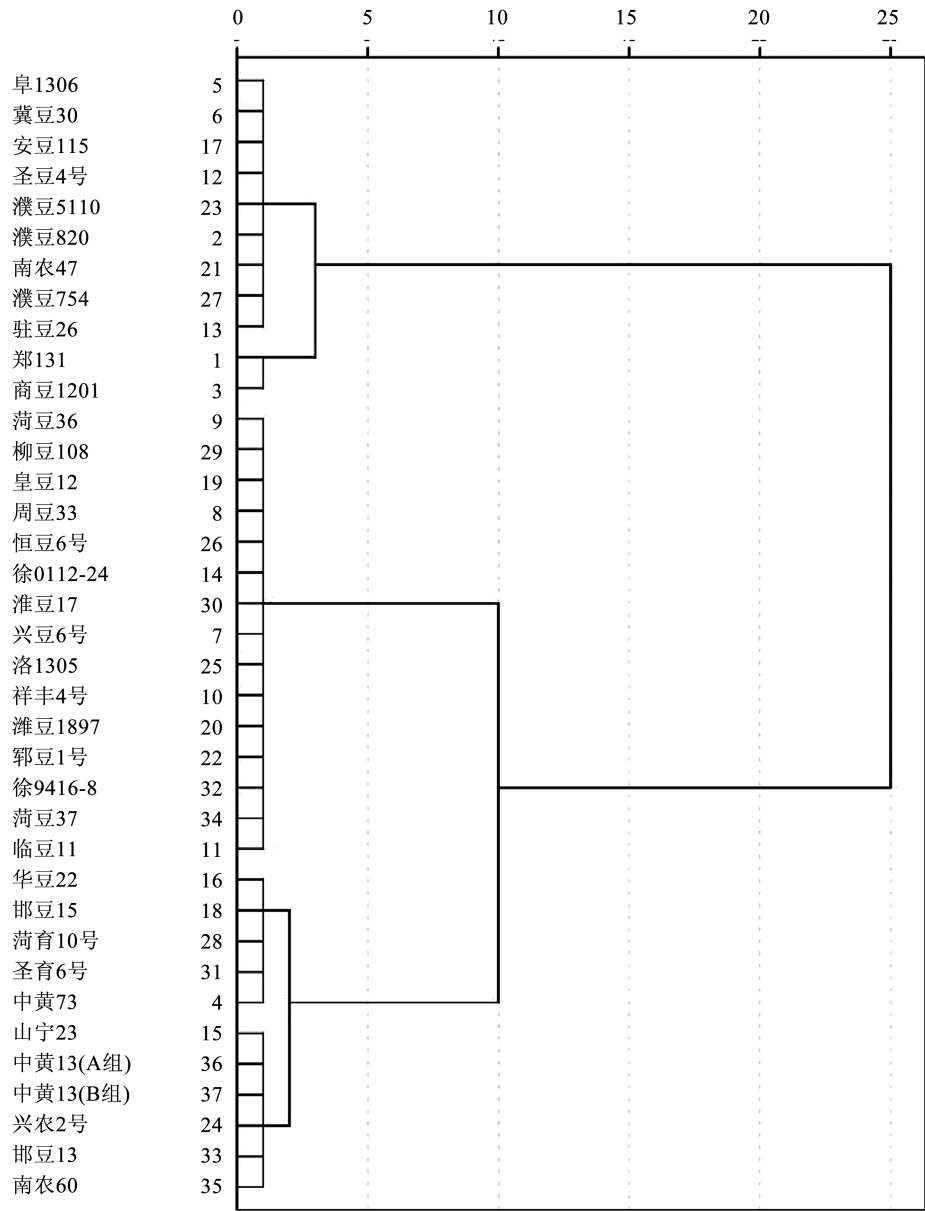


图 1 参试品种(系)的聚类图

Fig.1 Cluster analysis of tested soybean varieties(lines) based on comprehensive scores

2.4.3 回归分析 为了给黄淮海大豆育种者提供种质资源表型性状鉴定和评价模型,以  $C_i$  值为因变量,15 个性状的标准化值为自变量,采用逐步回归的方法建立回归方程:  $C_i = 0.484 + 0.033X_3 + 0.027X_4 + 0.067X_7 + 0.011X_{11} + 0.034X_{14}$ ,  $R^2 = 0.955\ 0$ ,  $F = 132.027$ ,  $P < 0.000\ 1$ 。该方程对参试品种(系)的预测精度为:实测值 =  $0.956\ 6X_{\text{预测值}} + 0.021\ 1$ ,  $R^2 = 0.955\ 1$ 。可见该回归方程能够较好反映黄淮海地区大豆品种(系)  $C_i$  值与 15 个单项指标的关系。通过该方程可以看出株高( $X_3$ )、底荚高( $X_4$ )、单株荚数( $X_7$ )、蛋白含量( $X_{11}$ )、SC7 病情指数( $X_{14}$ )等 5 个性状对黄淮海南片夏大豆综合表现有显著影响,可以作为用于南片参试品系和其他黄淮海地区大豆种质评价和分类的关键性状。

2.5 不同类别特征

根据聚类分析和逐步回归结果,对不同类别大豆品种(系)的 5 个关键性状进行单因素方差分析结果如表 8 所示,3 个类群间除蛋白含量(P)、SC7 病情指数(SC7)差异不显著外,株高(H)、底荚高(PH)、单株荚数(PN)性状间均存在极显著差异。3 个类群的具体特性为:第Ⅰ类群株高和底荚高度较高,单株荚数较多;第Ⅱ类群株高和底荚高度适中,单株荚数较多;第Ⅲ类群株高和底荚高度较低,单株荚数较少。

表 8 不同类群农艺性状

Table 8 Agronomic traits of different clusters			
性状 Trait	类群 Cluster		
	I	II	III
$X_3$ (H) ** /cm	79.28 ± 10.07	69.38 ± 4.69	57.72 ± 4.90
$X_4$ (PH) ** /cm	19.20 ± 2.49	16.85 ± 2.04	14.32 ± 2.03
$X_7$ (PN) **	45.13 ± 4.49	40.81 ± 4.58	34.92 ± 3.70
$X_{11}$ (P) /%	42.42 ± 1.67	41.89 ± 2.05	41.96 ± 1.31
$X_{14}$ (SC7) /%	32.91 ± 13.46	27.73 ± 15.71	24.21 ± 13.99

注:“\*\*”表示在 0.01 水平上差异显著。  
Note:“\*\*” indicate correlation is significant at the 0.01 level.

3 讨论

3.1 黄淮海夏大豆(南片)株型改善及抗病性与产量提高的关键问题分析

本研究对 37 份大豆品种(系)的 15 个产量和农艺性状进行统计分析,结果表明 15 个农艺性状均存在不同程度的遗传变异,说明黄淮海南片大豆种质资源类型较丰富,可为黄淮海地区大豆育种提供优良的种质基础。有研究发现近年来黄淮海地区

参试品种(系)的花叶病毒病抗性水平不断提升,而胞囊线虫病抗性水平基本没有改善<sup>[20]</sup>,但本研究中与上述病害有关的 SC3(48.5%)、SC7(53.0%)和 SCN2(31.1%)病情指数的变异系数均较大,说明当前黄淮海南片地区大豆品种(系)对花叶病毒病和胞囊线虫病的抗性存在较大差异,反映出不同育种单位掌握的抗性资源差别较大。与株型有关的有效分枝数变异系数(32.6%)略低于上述抗病性状,其次为株高(15.6%)和底荚高度(17.2%),说明当前育种家对大豆合适的株型应具备的特点存在较大认知差异。此外,本研究发现尽管与产量构成、株型及抗病性有关的性状在 37 份品种(系)间表现出的差异较大(5.7% ~ 53.0%),但产量间的差异仅为 4.1%,说明当前多数育种单位还无法有效综合协调大豆各类性状以发挥我国大豆种质资源丰富的优势,这与不同育种家对大豆株型、产量构成要素间的相互影响等认识和关注重点不同有关,因此加强种质资源和育种经验的交流、增进合作、开展“理想株型”的研究和良种联合攻关,是黄淮海地区大豆产量实现跨越式发展的关键。在本研究中,产量与单株粒重极显著正相关,而单株粒重与株高、单株荚数和单株粒数极显著正相关,与生育期、底荚高度和主茎节数显著正相关,与前人研究结果基本一致<sup>[21-24]</sup>,因此黄淮海南片大豆育种单位可因地制宜提高单株荚数和单株粒数,进而促进单株粒重的提高,从而有效提高产量。

3.2 黄淮海夏大豆(南片)的综合评价体系

DTOPSIS 法是一种多目标决策分析法,具有分辨能力强、分析结果科学合理的特点,在作物综合评价中应用广泛,可以更科学、客观地反映品种(系)的真实特性<sup>[25-26]</sup>。本研究通过因子分析将 15 个产量和农艺性状指标转化为株高因子、产量构成因子、花叶病毒病抗性因子、单株粒重因子和品质因子等 5 个主因子,累积贡献率达 77.97%,并利用 DTOPSIS 法计算品种(系)在 5 个主因子中的决策矩阵和综合评价  $C_i$  值。利用决策矩阵和  $C_i$  值,既可以综合评价品种(系)在单个主因子中的表现,又可以衡量品种(系)在 5 个主因子中的整体表现,从而实现对大豆品种(系)的综合评价。对农艺性状与综合评价  $C_i$  值的相关性分析表明,  $C_i$  值与生育期、株高、底荚高、主茎节数、有效分枝数、单株荚数、单株粒数和单株粒重等 8 个性状极显著正相关,表明在黄淮海南片大豆育种中应注意统筹这些

性状。基于综合评价  $C_i$  值,通过聚类分析将 37 份大豆品种(系)划分为 3 类,每类都具有不同的优势农艺性状,今后利用这些材料进行大豆育种时可根据育种目标选择不同的品种(系)作为亲本加以应用。

3.3 黄淮海夏大豆(南片)的评价模型应用

为了给育种家提供一种方便可行的大豆种质鉴定和筛选方法,本研究利用 15 个农艺性状对综合评价  $C_i$  值作逐步回归,建立了黄淮海南片大豆种质的综合评价模型: $C_i = 0.484 + 0.033X_3 + 0.027X_4 + 0.067X_7 + 0.011X_{11} + 0.034X_{14}$ ,今后可通过测定株高( $X_3$ )、底荚高( $X_4$ )、单株荚数( $X_7$ )、蛋白含量( $X_{10}$ )和 SC7 病情指数( $X_{14}$ )等 5 个性状,对大豆种质资源分类、筛选和品系鉴定提供直观、快捷的参考。

4 结论

本研究发现,15 个考察性状的变异系数为 2.4%~53.0%,其中产量、生育期、蛋白含量和脂肪含量变异系数均小于 5%,株高、底荚高、有效分枝数、花叶病毒 SC3 和 SC7 病情指数、胞囊线虫 SCN2 病情指数的变异系数均超过 15%,表明改善株型、提高抗病性可以作为当前解决大豆品种同质化严重现象的突破口。15 个性状的相关性分析表明,对黄淮海南片地区而言,可以通过提高单株荚数和单株粒数促进单株粒重提高,从而有效提高产量,但选育“大粒高产”和“蛋脂双高”品种目前仍存在一定难度。因子分析将 15 个性状转化为株高因子、产量构成因子、花叶病毒病抗性因子、单株粒重因子和品质因子等 5 个主因子,累积贡献率达 77.973%。DTOPSIS 法综合评价得到的  $C_i$  值与生育期、株高、底荚高、主茎节数、有效分枝数、单株荚数、单株粒数和单株粒重等 8 个性状极显著正相关,表明在大豆育种过程中需要对这 8 个关键性状进行综合协调。基于  $C_i$  值,将 37 份大豆品种(系)聚为 3 类,第Ⅰ类群 11 份品种(系),第Ⅱ类群 15 份品种(系),第Ⅲ类群 11 份品种(系),其中第Ⅰ类群综合表现最好。以 15 个性状对综合评价  $C_i$  值作逐步回归,建立了黄淮海南片大豆种质的综合评价模型: $C_i = 0.484 + 0.033X_3 + 0.027X_4 + 0.067X_7 + 0.011X_{11} + 0.034X_{14}$ ,利用该模型可以对大豆种质资源进行快速分类、筛选,从而为大豆育种中亲本选择及品系鉴定等提供直观、快捷的参考。

参考文献

[1] 韩秉进,潘相文,金剑,等.大豆农艺及产量性状的主成分分析[J].大豆科学,2008,27(1):67-73. (HAN B J, PAN X W, JIN J, et al. Principal component analysis of agronomic and yield related traits in soybean[J]. Soybean Science, 2008, 27(1): 67-73.)

[2] 张海燕,焦碧婵,李贵全.大豆产量及其相关数量性状关系的分析[J].山西农业科学,2006,34(2):27-29. (ZHANG H Y, JIAO B C, LI G Q. Analysis on the relationship between yield and correlated quantitative character of soybean[J]. Journal of Shanxi Agricultural Sciences, 2006, 34(2): 27-29.)

[3] 常世豪,杨青春,舒文涛,等.黄淮海夏大豆品种(系)主要农艺性状的综合性分析[J].作物杂志,2020(3):66-72. (CHANG S H, YANG Q C, SHU W T, et al. Comprehensive analysis of main agronomic traits of summer sowing soybean varieties (lines) in Huang-Huai-Hai region[J]. Crops, 2020(3): 66-72.)

[4] 李琼,常世豪,舒文涛,等.黄淮海地区夏大豆(南片)46份大豆品种(系)农艺性状综合分析[J].新疆农业科学,2021,58(10):1765-1774. (LI Q, CHANG S H, SHU W T, et al. Comprehensive analysis of agronomic characters of 46 soybean varieties (lines) of summer soybeans (south) in Huang-Huai-Hai region[J]. Xinjiang Agricultural Sciences, 2021, 58(10): 1765-1774.)

[5] 管凯,周青,张志民,等.灰色关联度和DTOPSIS法综合分析河南区域试验中大豆新品种(系)的农艺性状表现[J].大豆科学,2018,37(5):664-671. (ZAN K, ZHOU Q, ZHANG Z M, et al. Gray correlation analysis and DTOPSIS method for comprehensive agronomic performance analysis of new soybean varieties (lines) in He'nan regional test[J]. Soybean Science, 2018, 37(5): 664-671.)

[6] 石慧,许海涛.大豆主要农艺性状的遗传变异及相关性和主成分分析[J].黑龙江农业科学,2008(2):29-31. (SHI H, XU H T. Genetic variation, correlation and principal component analysis on major agronomic trait of soybean[J]. Heilongjiang Agricultural Sciences, 2008(2): 29-31.)

[7] 苟升学,肖金平.陕西省夏大豆产量与主要农艺性状的途径及灰色关联度分析[J].江西农业学报,2016,28(9):18-22. (GOU S X, XIAO J P. Analysis of path coefficient and gray relational degree between yield and main agronomic traits of summer soybean in Shaanxi Province[J]. Acta Agriculturae Jiangxi, 2016, 28(9): 18-22.)

[8] 代希茜,赵银月,詹和明,等.云南省夏大豆种质资源表型鉴定和综合评价模型构建[J].植物遗传资源学报,2018,19(5):830-845. (DAI X X, ZHAO Y Y, ZHAN H M, et al. Phenotypic screening of summer sowing soybean germplasm resources in Yunnan Province and constructing a comprehensive evaluation model[J]. Journal of Plant Genetic Resources, 2018, 19(5): 830-845.)

[9] 卢卫国,李卫东,梁慧珍,等. DTOPSIS 法综合评价大豆新品



种的初步探索[J]. 中国油料作物学报, 1998(3): 23-27. (LU W G, LI W D, LIANG H Z, et al. A preliminary research on multifactorial evaluation of new soybean varieties with application of DTOPSIS method[J]. Chinese Journal of Oil Crop Sciences, 1998(3): 23-27. )

[10] 张凡, 薛鑫, 刘国涛, 等. 基于灰色关联度分析法和聚类分析法筛选小麦高产优质新品种(系)的研究[J]. 中国农学通报, 2020, 36(27): 6-13. (ZHANG F, XUE X, LIU G T, et al. Screen of high yield and quality wheat varieties (lines) based on gray relational degree analysis and cluster analysis[J]. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2020, 36(27): 6-13. )

[11] 周丽艳, 郭振清, 马玉玲, 等. 春小麦品种农艺性状的主成分分析与聚类分析[J]. 麦类作物学报, 2011, 31(6): 1057-1062. (ZHOU L Y, GUO Z Q, MA Y L, et al. Principal component and cluster analysis of different spring wheat cultivars based on agronomic traits[J]. Journal of Triticeae Crops, 2011, 31(6): 1057-1062. )

[12] 卢家顶, 杨旭, 朱晓艳, 等. 河南地区 21 个粮饲兼用型青贮玉米品种综合评价[J]. 草地学报, 2021, 29(9): 1950-1958. (LU J D, YANG X, ZHU X Y, et al. Comprehensive evaluation of 21 corn silage varieties with both grain and forage in Henan Province[J]. Acta Agrestia Sinica, 2021, 29(9): 1950-1958. )

[13] 王平, 徐加利, 闫保罗, 等. 基于主成分-聚类-逐步回归分析的夏玉米品种光温利用能力综合评价[J]. 山东农业科学, 2020, 52(10): 71-77. (WANG P, XU J L, YAN B L, et al. Comprehensive evaluation on light and temperature utilization ability of different summer maize varieties based on principal component, cluster and stepwise regression analyses [J]. Shandong Agricultural Sciences, 2020, 52(10): 71-77. )

[14] 魏梦涵, 解慧芳, 邢璐, 等. 华北地区谷子产量与农艺性状的综合评价分析[J]. 作物杂志, 2018(4): 42-47. (WEI M H, XIE H F, XING L, et al. Comprehensive evaluation of yield and agronomic characters of foxtail millet germplasms from north China [J]. Crops, 2018(4): 42-47. )

[15] 解云, 郭世华. 谷子品种农艺性状的灰色关联度分析及综合评价[J]. 分子植物育种, 2021, 19(6): 2064-2072. (XIE Y, GUO S H. Grey correlation degree analysis and comprehensive evaluation of agronomic characters in foxtail millet cultivars[J]. Molecular Plant Breeding, 2021, 19(6): 2064-2072. )

[16] 张巩亮, 李逸, 魏媛媛, 等. 寒地水稻抗旱相关性状主成分分析及综合评价[J]. 福建农业学报, 2020, 35(80): 811-819. (ZHANG G L, LI Y, WEI Y Y, et al. Principal component analysis and comprehensive evaluation on drought resistance-related traits of rice for cultivation in cold regions [J]. Fujian Journal of Agricultural Sciences, 2020, 35(80): 811-819. )

[17] 游书梅, 曹应江, 郑家奎, 等. 73 份亚洲水稻恢复系农艺性状的主成分与聚类分析[J]. 植物遗传资源学报, 2015, 16(2): 250-256. (YOU S M, CAO Y J, ZHENG J K, et al. Principal component and cluster analysis for agronomic traits of 73 rice restorers lines in Asia[J]. Journal of Plant Genetic Resources, 2015, 16(2): 250-256. )

[18] 蒋聪, 刘慰华, 杨旭昆, 等. 灰色关联度分析和 DTOPSIS 法在云南粳稻品种综合评价中的应用[J]. 西南农业学报, 2020, 33(5): 907-912. (JIANG C, LIU W H, YANG X K, et al. Comprehensive evaluation about Yunnan japonica varieties with DTOPSIS and grey related degree[J]. Southwest China Journal of Agricultural Sciences, 2020, 33(5): 907-912. )

[19] NY/T1299-2014. 农作物品种试验技术规程 大豆[S]. 中华人民共和国农业行业标准. (NY/T1299-2014. Regulations for the trail technology of crop varieties-soybean [S]. Agricultural Industry Standard of The People's Republic of China. )

[20] 何鑫, 马文娅, 付汝洪, 等. 2006—2017 年国家黄淮海夏大豆品种区域试验参试品种(系)分析[J]. 中国油料作物学报, 2019, 41(4): 537-549. (HE X, MA W Y, FU R H, et al. Analysis of the national summer soybean regional trails in Huang-Huai-Hai region during 2006-2017 [J]. Chinese Journal of Oil Crop Sciences, 2019, 41(4): 537-549. )

[21] 汪宝卿, 张礼凤, 戴海英, 等. 黄淮海地区夏大豆农艺性状的遗传变异、相关及主成分分析[J]. 大豆科学, 2012, 31(2): 208-212. (WANG B Q, ZHANG L F, DAI H Y, et al. Genetic variation, correlation and principal component analysis on agronomic traits off summer sowing soybean (*Glycine max* Merr.) in Huanghuai region [J]. Soybean Science, 2012, 31(2): 208-212. )

[22] 汪宝卿, 张礼凤, 慈敦伟, 等. 黄淮海地区夏大豆农艺性状与产量的多元回归和通径分析[J]. 大豆科学, 2010, 29(2): 255-259. (WANG B Q, ZHANG L F, CI D W, et al. Multiple regression and path analysis between agronomic traits and yield of summer sowing soybean (*Glycine max* Merr.) in Huanghuaihai river region[J]. Soybean Science, 2010, 29(2): 255-259. )

[23] 刘念析, 李穆, 李秀平, 等. 大豆主要农艺性状间的相关性分析[J]. 大豆科学, 2013, 32(4): 570-572. (LIU N X, LI M, LI X P, et al. Correlation analysis of major agronomic traits in soybean[J]. Soybean Science, 2013, 32(4): 570-572. )

[24] 刘歆, 杨芳, 邓军波, 等. 江汉平原大豆品系表型分析及综合评价[J]. 作物杂志, 2021(5): 57-63. (LIU X, YANG F, DENG J B, et al. Phenotypic analysis and comprehensive evaluation of soybean strains in Jiangnan plain of China [J]. Crops, 2021(5): 57-63. )

[25] 杨昆, 吴才文, 覃伟, 等. DTOPSIS 法和灰色关联度法在甘蔗新品种综合评价中的应用比较[J]. 西南农业学报, 2015, 28(4): 1542-1547. (YANG K, WU C W, TAN W, et al. Comparison of comprehensive evaluation sugarcane new varieties with DTOPSIS and gray related degree [J]. Southwest China Journal of Agricultural Sciences, 2015, 28(4): 1542-1547. )

[26] 代顺东, 韦树谷, 黄玲, 等. DTOPSIS, AHP 及隶属函数法综合评价四川烤烟区试品种[J]. 西南师范大学学报(自然科学版), 2021, 46(6): 57-64. (DAI S D, WEI S G, HUANG L, et al. Synthesis evaluation of flue-cured tobacco varieties in Sichuan regional trails by DTOPSIS, AHP, and membership function method [J]. Journal of Southwest China Normal University (Natural Science Edition), 2021, 46(6): 57-64. )