

# 利用 RAPD 技术分析野生大豆× 栽培大豆 后代品系遗传组成<sup>\*</sup>

郑翠明<sup>1</sup> 常汝镇<sup>1</sup> 邱丽娟<sup>1</sup> 李玉清<sup>2</sup> 郭 蓓<sup>1</sup>

(1. 中国农业科学院作物品种资源研究所 北京 100081; 2. 河北省承德市农业科学研究所)

**摘要** 本研究通过对育成品系及亲本 DNA 组成位点的分析,探讨亲本遗传物质在后代中所占的比例,为大豆育种提供理论指导。本研究所用的三个优良品系 8702-2-4 8702-2-8 8650-1-4 是从种间杂交组合{(固新野生大豆(P<sub>1</sub>)(承德 1 号(P<sub>2</sub>)(通交 81-1543(B))}选育出的。前 2 个姊妹系是在组合(P<sub>1</sub>×P<sub>2</sub>)的 F<sub>2</sub>代用 P<sub>3</sub>进行回交选育成的,8650-1-4 是在组合(P<sub>1</sub>×P<sub>2</sub>)的 F<sub>1</sub>代用 P<sub>3</sub>回交选育成的。用 79 个引物进行 RAPD 分析亲本及后代品系细胞核 DNA,其中 15 个引物在亲本间具有多态性,这 15 个引物总扩增位点 121 个, P<sub>1</sub> P<sub>2</sub> P<sub>3</sub> 的特异位点数分别是 19 4 9 个,表明野生大豆的遗传基础丰富。8702-2-4 具有 P<sub>1</sub> P<sub>2</sub> P<sub>3</sub> 的特异位点数分别是 2 2 5 个 8702-2-8 具有 P<sub>1</sub> P<sub>2</sub> P<sub>3</sub> 的特异位点数分别为 1 2 8 个,农艺性状表现更象 P<sub>3</sub>,如荚熟色、褐斑率。8650-1-4 具有 P<sub>1</sub> P<sub>2</sub> P<sub>3</sub> 的特异位点数分别为 11 1 2 个,在农艺性状上更多的继承了野生大豆的遗传特点,如多荚、多分枝。证明 RAPD 技术对于研究亲本和后代遗传关系是有效的。另外,亲本的一些特异位点在后代中加强,可能与杂种优势有关,但有待于进一步研究。

**关键词** 大豆品系;野生大豆;栽培大豆;RAPD

中国是大豆的起源地,其近缘种野生大豆(*Glycine soja*)资源非常丰富,已收集和保存有不同进化类型的野生大豆种质资源 5000 多份。目前,大豆育种进展难有较大突破,原因之一是大豆品种的遗传基础狭窄,利用野生大豆种质拓宽栽培大豆的遗传基础已成为大豆研究的热点之一。野生大豆中有益性状基因在栽培大豆的改良中起到了重要作用<sup>[7]</sup>,丰富了大豆遗传基础,提高大豆产量和质量。这些性状包括高亚油酸、抗落荚性<sup>[13]</sup>、低植酸<sup>[15]</sup>、抗虫性<sup>[16]</sup>、小粒等。

以往在利用野生大豆改良栽培大豆品种时都是利用栽培大豆作母本,一方面是野生大豆花器小、去雄难而未被用作母本,另一方面也是防止野生大豆作母本会产生难以克服的不利性状,如蔓生倒伏性、粒小、种皮颜色深等。因此利用野生大豆作父本只是对细胞核遗传基础的拓宽。另外,中国大豆细胞质遗传基础比细胞核遗传基础相对狭窄,如黑龙江

<sup>\*</sup> 河北省自然科学基金

收稿日期 1999-09-24

Received on Sep. 24, 1999

省 66.23% 育成大豆品种的细胞质来自黄宝珠和白眉<sup>[10]</sup>, 黄淮地区育成品种细胞质的主要来源是齐黄 1 号和莒选 23<sup>[9]</sup>。这说明应该拓宽大豆细胞质的遗传基础。能否利用野生大豆作母本改良栽培大豆, 尚未见报道。本研究利用野生大豆作母本选育出了三个优良品系, 证明了野生大豆作母本改良栽培大豆的可行性, 为野生大豆作母本改良栽培大豆育种和种质创新提供理论基础。关于栽培大豆× 野生大豆杂交后代农艺性状表现及遗传变异分析已有不少报道<sup>[1~5, 8, 11]</sup>, 分子生物学的迅速发展, 使人们可能从 DNA 水平上研究评价大豆资源, 分子标记技术已经被用于研究亲子遗传关系<sup>[6]</sup>。本实验利用 RAPD 技术初步探索了野生大豆× 栽培大豆杂交后代的遗传组成及其与亲本的关系, 以期对野生大豆有益基因的利用以及亲本选配和后代选择提供参考。

## 1 材料和方法

### 1.1 杂交组合配制及品系选育

通过三交“(固新野生大豆× 承豆 1 号)× 通交 81-1543”, 选育出三个后代品系 8702-2-4, 8702-2-8, 8650-1-4, 前 2 个姊妹系是在组合(固新野生大豆× 承豆 1 号)的 F<sub>2</sub> 代用通交 81-1543 进行回交选育成的, 8650-1-4 是在组合(固新野生大豆× 承豆 1 号)的 F<sub>1</sub> 代用通交 81-1543 回交选育成的。

### 1.2 DNA 提取

用 CTAB<sup>[12]</sup> 方法分别提取三个亲本及三个后代品系新鲜叶片细胞核 DNA。

### 1.3 RAPD 分析

RAPD 引物为 Operon 公司生产的 10 摩尔随机引物。25ul 反应体系包括: 1X PCR buffer, 2.5mM MgCl<sub>2</sub>, 0.1mM dNTP, 15ng primer, 40ng DNA, 1U Taq 扩增反应为: 94℃ 预变性 3 分钟, 接着 50 个循环为: 94℃ 15 秒, 36℃ 30 秒, 72℃ 1 分钟。最后在 72℃ 延伸 7 分钟, 4℃ 保存。RAPD 产物在 1.4% 琼脂糖(内含 1.0 μg/ml 溴化乙锭)上电泳, 电泳结果在紫外灯下检测照相。

## 2 结果分析

### 2.1 亲本及后代 RAPD 位点组成

用 79 个 10 摩尔随机引物对三个亲本(固新野生大豆、承豆 1 号和通交 81-1543)进行了 RAPD 分析, 其中 15 个引物在亲本间具有多态性。固新野生大豆多态性位点明显高于栽培大豆, 表明本研究所用野生大豆遗传基础比二个栽培大豆亲本丰富, 用这 15 个引物对 8702-2-4, 8702-2-8, 8650-1-4 三个优良品系进行了 RAPD 鉴定(表 1)。15 个引物总扩增位点数为 121 个, 亲本的特异位点共有 32 个。用 15 个引物对固新野生大豆扩增出 100 个 RAPD 位点, 其中 12 个引物可扩增出 19 个特异位点。承豆 1 号扩增出 98 个位点, 4 个引物可扩增出 4 个特异位点。通交 81-1543 扩增出 98 个位点, 8 个引物可扩增出 9 个特异位点。

表 1 由组合 (野生大豆× 承豆 1号× 通交 81- 1543)培育的三个后代  
品系细胞核 DNA的 RAPD位点组成

Table 1 RAPD makers of nuclear DN A of three soybean lines from the cross of  
( *G. soja*× Chengdou No. 1× Tongjiao 81- 1543

多态性 引物 polymo rphic primers	总扩增 位点 Total ampli fied loci	亲本 Parents						后代品系 Progenies			
		固新野生 大豆 (P <sub>1</sub> ) <i>G. Soja</i>		承豆 1号 (P <sub>2</sub> ) Chengdou No. 1		通交 81- 1543 (P <sub>3</sub> ) Tongjiao 81- 1543		8702- 2- 4			
		总位点		特异位点		总位点		特异位点		特异位点	
		同 P <sub>1</sub>	同 P <sub>2</sub>	同 P <sub>3</sub>	同 P <sub>1</sub>	同 P <sub>2</sub>	同 P <sub>3</sub>	同 P <sub>1</sub>	同 P <sub>2</sub>	同 P <sub>3</sub>	同 P <sub>3</sub>
OPA04	15	11	2	12	0	11	1	9	0	0	1
OPE01	8	7	1	7	0	7	0	7	0	0	0
OPH02	5	5	1	4	0	4	0	4	0	0	0
OPK10	8	7	1	7	0	7	1	7	1	0	0
OPK16	9	6	2	5	1	6	2	6	0	1	1
OPL19	8	5	1	7	1	6	0	6	0	0	0
OPN08	6	5	1	5	0	5	0	5	0	0	0
OP005	8	8	1	6	0	7	0	6	0	0	0
OP008	9	9	1	8	0	8	0	8	0	0	0
OP019	6	4	0	5	1	5	1	5	0	0	1
OP020	8	8	4	5	0	5	0	6	1	0	0
OPP11	5	4	0	4	0	5	1	4	0	0	0
OPR07	9	8	0	8	1	8	1	7	0	1	1
OPR10	7	6	3	6	0	6	1	6	0	0	1
OPS03	10	9	1	9	0	8	1	9	0	0	0
总计	121	100	19	98	4	98	9	95	2	2	5

多态性引物 polymorphic primers	总扩增 位点 Totalam plified loci	后代品系 Progenies							
		8702- 2- 8				8650- 1- 4			
		总位点		特异位点		总位点		特异位点	
		同 P <sub>1</sub>	同 P <sub>2</sub>	同 P <sub>3</sub>	同 P <sub>1</sub>	同 P <sub>2</sub>	同 P <sub>3</sub>	同 P <sub>1</sub>	同 P <sub>2</sub>
		同 P <sub>1</sub>	同 P <sub>2</sub>	同 P <sub>3</sub>	同 P <sub>1</sub>	同 P <sub>2</sub>	同 P <sub>3</sub>	同 P <sub>1</sub>	同 P <sub>2</sub>
OPA04	15	10	0	0	1	10	3	0	0
OPE01	8	7	0	0	0	8	1	0	0
OPH02	5	4	0	0	0	6	1	0	0
OPK10	8	7	0	0	1	7	1	0	0
OPK16	9	6	0	1	1	5	1	0	0
OPL19	8	6	0	0	0	7	1	0	0
OPN08	6	5	0	0	0	5	0	0	0
OP005	8	6	0	0	0	6	0	0	0
OP008	9	7	0	0	0	9	1	0	0
OP019	6	5	0	0	1	5	0	0	1
OP020	8	5	0	0	0	6	1	0	0
OPP11	5	4	0	0	1	4	0	0	0
OPR07	9	7	0	1	1	7	0	1	0
OPR10	7	6	0	0	1	6	0	0	1
OPS03	10	10	1	0	1	9	1	0	0
总计	121	95	1	2	8	100	11	1	2

来源相同的姊妹系 8702- 2- 4和 8702- 2- 8的遗传物质中既有母本 (固新野生大

豆×承豆 1号)的特异位点,又有父本(通交 81- 1543)的特异位点。其中,8702- 2- 4来自固新野生大豆,承豆 1号和通交 81- 1543的特异位点数分别是 2,2,5,而 8702- 2- 8则分别为 1,2,8。而且对引物 OPR07、OPK10、OPA04的 RAPD分析中各检测到 1个比父母本加强的位点(OPR07- B,OPK10- B,OPA04- C),是这 2个品系特有的(表 2)。

与上述二个品系相比,在 8650- 1- 4的遗传物质中检测到与母本相同的 12个特异位点,比其它 2个姊妹系中观察到的总和还多,其中来自固新野生大豆的特异位点为 11个。与父本相同的特异位点只有 2个,可见,用栽培大豆早回交比晚回交育成的品系更多地保留了野生大豆的遗传特性。

## 2.2 亲本特异位点在后代中的表现

固新野生大豆 8个特异位点(OPK16- G,OPN08- A,OP005- A,OP020- A,OP020- B,OPR10- A,OPR10- C,OPR10- E)在三个后代品系中都没有出现,7个特异位点(OPA04- E,OP001- A,OPH02- B,OPK16- D,OPL19- B,OP008- A,OP020- C)只在品系 8650- 1- 4中表现,1个特异位点(OPA04- B)只出现在品系 8702- 2- 4,8702- 2- 8中。(图 1图 2)1个特异位点(OP020- D)只出现在品系 8702- 2- 4中,1个特异位点(OPS03- B)只出现在品系 8702- 2- 8和 8650- 1- 4中。固新野生大豆 OPK10- A比承豆 1号和通交 81- 1543强,8702- 2- 4和 8650- 1- 4中 OPK10- A同固新野生大豆,8702- 2- 8中 OPK10- A同承豆 1号和通交 81- 1543。OPA04- A在固新野生大豆中比承豆 1号和通交 81- 1543强,8650- 1- 4中 OPA04- A同固新野生大豆,8702- 2- 4和 8702- 2- 8中 OPA04- A同承豆 1号和通交 81- 1543。

承豆 1号中有 2个特异位点(OPL19- A,OP019- B)在后代品系中均没有出现,1个特异位点(OPK16- E)在两个后代 8702- 2- 4和 8702- 2- 8中表现,1个特异位点 OPR07- A在三个后代品系中均出现。

通交 81- 1543有 2个特异位点(OP019- A,OPR10- D)在三个后代品系中都表现,2个特异位点(OPA04- D,OPK16- B,)在 8702- 2- 4和 8702- 2- 8中表现,通交 81- 1543中 OPR07- B带较固新野生大豆和承豆 1号强,8702- 2- 4和 8702- 2- 8中 OPR07- B比通交的带加强,8650- 1- 4同固新野生大豆和承豆 1号。通交 81- 1543中一个特异位点(OPK16- F)在后代品系中均没出现,2个特异位点(OPP11- A,OPS03- A)只出现在 8702- 2- 8中,OPK10- C带较固新野生大豆和承豆 1号强,8702- 2- 8中 OPK10- C带同通交 81- 1543。8702- 2- 4和 8650- 1- 4中 OPK10- C带同固新野生大豆和承豆 1号。

在固新野生大豆和承豆 1号中存在,而在通交 81- 1543中没有的 3个 RAPD位点(OPA04- C,OPK16- A,OPK16- C)在 8702- 2- 4和 8702- 2- 8中出现,其中 OPA04- C比亲本带加强。承豆 1号和通交 81- 1543都有,固新野生大豆没有的 RAPD位点共有 2个,其中 OPH02只在 8702- 2- 4和 8702- 2- 8中表现,OPR10- B在三个后代中都能扩增出来。OPR07- C在固新野生大豆和通交 81- 1543中表现,而在承豆 1号中没有,三个后代品系都没出现。(OPR07- A)在承豆 1号中较强,固新野生大豆和通交 81- 1543较弱,后代均较强。

表 2 组合 (野生大豆× 承豆 1号 × 通交 81- 1543亲本的 RAPD位点在三个后代品系中的表现

Table 2 The appearance of parental RAPD markers in three soybean lines from the cross of ( *G. soja*× Chengdou No. 1× Tongjiao 81- 1543

引物 Primers	位点 Locis	固新野生 大豆 <i>G.soja</i>	承豆 1号 Chengdou No. 1	通交 81- 1543 Tongjiao 81- 1543	8702- 2- 4	8702- 2- 8	8650- 1- 4
OPA04	A	++	+	+	+	+	++
	B	++	+	+	-	-	++
	C	+	+	-	+++	+++	-
	D	-	+	++	++	++	-
	E	+	-	-	-	-	+
OPE01	A	+	-	-	-	-	+
OPH02	A	-	+	+	+	+	-
	B	+	-	-	-	-	+
OPK10	A	++	+	+	++	+	++
	B	+	+	+	++	++	+
	C	+	+	++	+	++	+
OPK16	A	++	++	+	++	++	+
	B	-	-	+	+	+	-
	C	+	+	-	+	+	-
	D	+	-	-	-	-	++
	E	-	+	-	+	+	-
	F	-	-	+	-	-	-
	G	+	-	-	-	-	-
OPL19	A	-	+	-	-	-	-
	B	+	-	-	-	-	+
OPN08	A	+	-	-	-	-	-
OPO05	A	+	-	-	-	-	-
OPO08	A	+	-	-	-	-	+
	A	-	-	+	+	+	+
OPO19	B	-	+	-	-	-	-
OPO20	A	+	-	-	-	-	-
	B	+	-	-	-	-	-
	C	+	-	-	-	-	+
	D	+	-	-	+	-	-
O PP11	A	-	-	+	-	+	-
OPR07	A	+	++	+	++	++	++
	B	+	+	++	+++	+++	+
	C	+++	-	+++	-	-	-
OPR10	A	+	-	-	-	-	-
	B	-	+	+	+	+	+
	C	+	-	-	-	-	-
	D	-	-	+	+	+	+
	E	+++	+	+	+	+	+
O PS03	A	-	-	+	-	+	-
	B	+	-	-	-	+	+

注: -: 无带;+: 有带;带强弱顺序: +++ > ++ > + RAPD位点分子量大小 A> B> C> D> E

表 3 组合(野生大豆× 承豆 1号)× 通交 81- 1543亲本及后代农艺性状

Table 3 Agronomy traits performance of parental and three soybean lines from the cross of ( *G. soja*× Chengdou No. 1)× Tongjiao 81- 1543

	株高 Plant height	结荚高 Pod height	分枝数 No. of branches	主茎节数 No. of nods in main stem	单株荚数 No. of pods per plant	单株粒数 No. of seeds per plant	荚熟色 Pods color	褐斑率 Rates of seed coat mottling	百粒重 100- seeds weight
野生大豆	491. 5	0	20. 7	48. 7	667. 0	1133. 0	黑	0	2. 2
承豆 1号	116. 2	20. 2	1. 3	23. 2	51. 7	105. 7	棕	0	20. 8
通交 81- 1543	65. 5	16. 1	1. 6	12. 6	37. 7	77. 3	淡黄	38. 1	24. 3
8702- 2- 4	118. 7	25. 9	1. 2	18. 9	71. 4	145. 8	褐	1. 3	21. 2
8702- 2- 8	88. 1	15. 5	3. 4	16. 7	56. 8	146. 3	淡黄	15. 0	21. 6
8650- 1- 4	129. 4	21. 7	3. 4	23. 1	99. 1	185. 0	淡褐	1. 7	19. 9

注: 表中数据为四年 (1995- 1998)结果平均值 ,每年为 3次重复。  
Note The data in the table above were the average value of four years (1995- 1998). Three replications of each year.

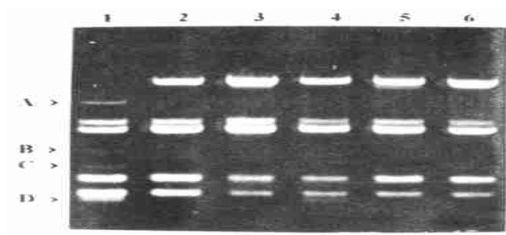


图 1 引物 OPO20扩增的 RAPD标记  
Fig. 1 RAPD markers amplified with primer OPO20

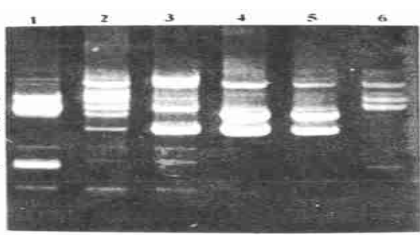


图 2 引物 OPA04扩增的 RAPD标记  
Fig. 2 RAPD markers amplified with primer OPA04

- 1.固新野生大豆; 2.承豆 1号; 3.通交 81- 1543; 4. 8702- 2- 4 5. 8702- 2- 8; 6. 8650- 1- 4  
1. *G. soja*; 2. Chengdou No. 1; 3. Tongjiao 81- 1543; 4. 8702- 2- 4; 5. 8702- 2- 8 6. 8650- 1- 4

由亲本及后代农艺性状调查结果表明(表 3), 8650- 1- 4更多的继承了固新野生大豆的遗传特点,表现在株高、分枝数、单株荚数、单株粒数,野生大豆多荚多分枝的优良性状在 8650- 1- 4上表现出来 这与 RAPD分析结果十分吻合, 8650- 1- 4特异位点中具有野生大豆特异位点数最多 (11/14),说明 RAPD 技术对于研究亲本和后代的遗传关系是很有效的手段 8702- 2- 4来自于父本、母本的 RAPD特异位点数相近,在农艺性状上兼具双亲的特点 而它的姊妹系 8702- 2- 8却更多的继承了父本通交 81- 1543的遗传特点,表现在株高、结荚高、主茎节数、荚熟色为淡黄色,褐斑率较高,粒色黄白,这些性状都和父本一致 而 RAPD特异位点来自于父本的较多 (8/11).

### 3 讨论

3.1 本研究利用野生大豆作母本选育出三个优良品系,说明野生大豆作母本拓宽栽培大豆遗传基础是可行的,野生大豆作母本的缺点是完全可以克服的。野生大豆作母本,不仅拓宽栽培大豆的细胞核遗传基础,还能拓宽细胞质遗传基础。

3.2 固新野生大豆 RAPD 特异位点数明显多于栽培大豆,从 DNA 水平上证明了野生大豆遗传基础比较丰富,栽培大豆是从野生大豆演变而来。证明了利用野生大豆能够拓宽栽培大豆的遗传基础。

3.3 亲本中的弱带在后代 (87- 2- 4, 87- 2- 8) 中增强,杨光宇<sup>[5]</sup>的研究表明,野生大豆和栽培大豆  $F_2$  代许多性状具有超亲优势,这些 RAPD 位点的增强的机理还不清楚,是否是超亲优势的体现,还有待于进一步研究。

3.4 前人研究表明,野生大豆和栽培大豆  $F_1$  代性状多倾向于野生大豆<sup>[1,2]</sup>,本研究 8650- 1- 4 是在组合 (野生大豆× 承豆 1 号) 的  $F_1$  代用通交 81- 1543 进行回交选育成的,8650- 1- 4 大多数 RAPD 位点都来源于野生大豆,并且农艺性状表现倾向于野生大豆。表明野生大豆× 栽培大豆的  $F_1$  代用栽培大豆回交的后代性状仍倾向于野生大豆。而 8702- 2- 4 和 8702- 2- 8 是在组合 (野生大豆× 承豆 1 号) 的  $F_2$  代用通交 81- 1543 进行回交选育成的, RAPD 位点组成既有母本、又有父本的特异位点。而 8702- 2- 8 农艺性状表现更倾向于通交 81- 1543。表明在晚期世代用栽培大豆回交选育的后代更多的继承了栽培大豆的遗传特点。

3.5 野生大豆的利用前景广阔,而对其深入研究评价是有效利用的前提。以往的评价和杂交后代遗传分析及选择是用传统的方法,不仅需要大量的遗传实验,而且育种年限较长。分子生物学的发展为传统的育种提供了最佳补充和替代方式,分子标记技术中的 RAPD 方法具有简单、快速、高效、准确等优点。本文用 RAPD 方法初步分析了 (野生大豆× 承豆 1 号)× 通交 81- 1543 三个优良后代 DNA RAPD 位点的组成,研究了后代品系 DNA 的来源及与亲本的关系。RAPD 结果与后代的选育过程比较吻合,与后代农艺性状表现一致。表明用分子标记技术能够准确的分析杂交组合后代的 DNA 来源。通过亲本细胞核 DNA 多态性分析,笔者认为野生大豆具有和栽培大豆不同的遗传基础,建立野生大豆遗传连锁图谱并定位有利基因,是一项很有意义的工作,将加速野生大豆的有效利用。

### 参 考 文 献

- 1 王荣昌,大豆栽培种与野生种间杂交后代遗传变异研究,《中国野生大豆资源研究进展》,中国农业出版社,1995
- 2 王振民等,栽培大豆× 半野生大豆  $F_1$  代优势及其与亲本关系的研究,吉林农业大学学报,1997,19(4): 14- 19
- 3 李文滨等,大豆品种间与种间杂种后代农艺性状遗传的比较研究,大豆科学,1986,5(4): 265- 276
- 4 李莹等,大豆种间杂种后代产量性状的遗传变异,《中国野生大豆资源研究进展》,中国农业出版社,1995
- 5 杨光宇等,栽培大豆 (*G. max*)× 半野生大豆 (*G. gracilis*) 后代主要农艺性状遗传参数的初步分析,《中国野生大豆资源研究进展》,中国农业出版社,1995
- 6 陈绍江等,大豆育种过程中亲子遗传关系的 RAPD 研究初报,东北农业大学学报,1996,27(2): 137- 141

- 7 林红.野生大豆的利用与优异资源的创新,中国油料,1996,18(4): 70- 72
- 8 姚振纯.大豆种间杂交新种质遗传潜力评价,大豆科学,1996,15(4): 310- 316
- 9 李星华.山东主要大豆品系分析,山东农业科学,1987,3 4- 7
- 10 张国栋.黑龙江省大豆推广品种细胞质来源初步分析,大豆科学,1987,6(5): 313- 316
- 11 Ertl, D. S. and Fehr, W. R. Agronomic performance of soybean genotypes from *Glycine max* × *Glycine soja* crosses. Crop Science. 1985, 25 589- 592
- 12 Rogers and Bendich. Theory apply Genet. 1995, 91 893- 898
- 13 Bailey M A. Pod dehiscence of soybean: identification of quantitative trait loci. J. Hered. 1997, 88 152- 154
- 14 Rebetzke G.J. Genotypic variation for fatty acid content in selected *Glycine max* × *G. soja* populations crop science. 1997, 37(5): 1636- 1640
- 15 Railoy V. Phytic acid levels in seeds of *Glycine max* × *G. Soja* as influenced by phosphorus status. Crop Science. 1993, 33(6): 1300- 1305
- 16 Sun ZQ. A study of apid resistant character of wild soybean. Soybean Sci. 1991, 10(2): 98- 103

## RAPD ANALYSIS OF THREE SOYBEAN LINES FROM THE CROSS OF ( *Glycine soja* × *Glycine max* ) × *G. max*

Zheng Cuiming<sup>1</sup> Chang Ruzhen<sup>1</sup> Qiu Lijuan<sup>1</sup> Li Yuqing<sup>2</sup> Guo Pei<sup>1</sup>

(1. Institute of Crop Germplasm Resources, CAAS, Beijing 100081, China;

2. Institute of Agricultural Science in Chengde City, Hebei Province)

**Abstract** Three soybean elite lines( 8650- 1- 4 and 8702- 2- 4, 8702- 2- 8) was developed by using *Glycine soja* as female parent and *Glycine max* as male parent. 8650- 1- 4 was developed by backcrossing of Tongjiao 81- 1543 with F<sub>1</sub> of ( *G. soja* × Chengdou No. 1), and 8702- 2- 4, 8702- 2- 8 were developed by backcrossing of Tongjiao 81- 1543 with F<sub>2</sub> of ( *G. soja* × Chengdou No. 1). Parental and progeny nuclear DNA was analysed by RAPD method. A total of 79 primers were analyzed with parents, fifteen of which were polymorphic between parents. Using these 15 primers, *G. Soja* amplified 19 special loci, 4 in Chengdou and 9 in Tongjiao respectively, which indicates that genetic background of *G. soja* differ from *G. max*. The number of special loci coming from *G. soja*, Chengdou No. 1 and Tongjiao 81- 1543 is 2, 2 and 5 for 8702- 2- 4; . 1, 2 and 8 for 8702- 2- 8; 11, 1 and 2 for 8650- 1- 4, respectively. These results were in accordance with their agronomic character performance, 8702- 2- 8 was more similar to Tongjiao 81- 1543 and 8650- 1- 4 inherited more characters from *G. soja*, which indicated that RAPD markers is an useful tool to study relationship between parents and progenies. In addition, we also found some RAPD loci were stronger in 8702- 2- 4 and 8702- 2- 8 than their parents, but the mechanism is not clear.

**Key words** Soybean lines; *Glycine soja* × *Glycine max*; RAPD markers