

野生大豆 (*Glycine soja*) 研究现状与建议^{*}

李向华 王克晶 李福山 严茂粉

(中国农业科学院作物科学研究所, 北京 100081)

摘要 野生大豆 (*G. soja*) 是栽培大豆的祖先种, 具有高蛋白、多抗、广适应性和繁殖系数高等特性。本文针对近几年野生大豆考察工作介绍了野生大豆分布现状, 并对目前野生大豆资源的研究、鉴定和利用进行了分析, 提出加强资源评价的深度和广度以提高野生大豆的有效利用, 开展野生大豆保护遗传学方面的研究以促进野生大豆的有效保护。

关键词 野生大豆; 研究现状; 利用; 保护

中图分类号 S 565. 101. 9 **文献标识码** A **文章编号** 1000—9841(2005)04—0305—05

大豆 (*Glycine max*) 起源于中国, 一年生野生大豆 (*Glycine soja*) 是栽培大豆的原始祖先种。自然条件下生长的野生大豆, 在遗传方面从未受到人为选择的影响, 因此很多丰富的功能基因并没有因为人为选择而丢失, 这些基因很可能是大豆生产中所迫切需要的关键性基因。野生大豆资源中的高蛋白、多抗、广适应性和繁殖系数高的优良材料可以直接用于栽培大豆的优质、抗病、高产育种研究。野生大豆还是大豆系统发育和演化研究最重要的载体之一, 是大豆生产可持续发展的重要遗传基础。从上世纪 70 年代末开展野生大豆考察收集工作以来, 我国科研工作者对野生大豆从形态学、基础生物学、品质化学、遗传育种、分子生物学等方面做了大量的研究, 徐豹^[1] (1989)、庄炳昌^[2] (1999) 曾对野生大豆不同阶段的研究进展做了报道, 本文仅就野生大豆近几年的研究现状进行分析, 并提出几点研究建议供同行参考。

1 野生大豆分布及生境破坏现状

一年生野生大豆在世界上分布非常狭窄, 只限于东亚中北部非干旱的温带地区, 主要分布在中国, 在朝鲜半岛、日本和俄罗斯远东地区也有部分分布。1979—1983 年开展的中国野生大豆资源考察已经初步明确了我国野生大豆的地理分布和生境, 在我国除新疆、青海、海南三省区没有发现野生大豆外, 其余各省都有分布^[3]。广泛的地理分布和环境异质

性差异, 形成了适合不同生态条件的野生大豆群体类型。第一次全国野生大豆考察距今已经有 20 多年的时间了, 这 20 多年伴随着国家现代工业和城镇建设的高速发展, 带来对资源的掠夺性开发和生态环境的破坏等问题, 日益加重了野生资源的灭绝。2002 年—2004 年中国农科院品资所与黑龙江省农科院育种所、吉林农科院大豆所、辽宁铁岭农科院、江西省农科院旱作所、安徽省农科院作物所等单位合作对黑龙江省、吉林省、辽宁省、山西省、安徽省、湖北省、北京市、重庆市、江西省和广东省 196 个县(市)的野生大豆资源进行了考察, 新收集到一年生野生大豆资源 812 份, 发现了很多新的类型(大粒群体、长花序、耐盐等), 其中 39 个县(市)是新发现的野生大豆分布点。通过对野生大豆种质资源以前存在的分布点和以前未考察的有可能分布野生大豆的地区进行广泛调查与收集, 发现野生大豆的原生境已经受到了很大的破坏, 生境片段化, 致使很多群体已经消失, 分布面积减小, 很难发现大的群体, 野生大豆的生存受到严重威胁。

例如, 黑龙江集贤县沙岗乡的安邦河畔, 在 1981 年考察时有数万平方米的野生大豆生长, 现在已开垦农田, 野生大豆群体消失; 黑龙江克山县河北乡新民村草甸上原有 2 万平方米野生大豆, 现已开垦农田, 野生大豆群体消失; 辽宁彰武曾经有 6 万平方米的野生大豆分布, 并有珍贵的白花野生类型, 现在已经开垦为水稻田, 白花野生大豆消失; 山西汾河

* 收稿日期: 2005—04—08

基金项目: 北京市自然科学基金(6052021)资助项目、国家财政专项资助项目

作者简介: 李向华(1970—), 女, 副研究员, 从事野生大豆资源研究。Email: xhli@caas.net.cn

滩以前野生大豆分布很广,类型丰富,有百粒重达到14.7g的变异类型,有灰毛、白花、主茎明显的半野生类型,有粒色淡绿、黄色、茶色的突变类型。这些类型对于栽培大豆的起源、进化、育种研究有重要的价值,但现在由于城市建设和土地开发,这些珍贵的野生大豆类型已经全部消失;通过对山西省大宁、吉县、河津、临猗、永济和芮城黄河滩的考察发现,由于土地开发、修建防洪坝等原因,以前大面积分布的野生大豆群体现在已经难以找到。因此,对已经处于濒危边缘的野生大豆资源进行抢救性的收集已经成为十分紧迫的任务。

2 野生大豆研究进展

国外近几年对野生大豆研究主要集中在对少量材料个别性状的遗传研究上。Chen等(2004)利用形态性状和DNA标记鉴定了美国农业部大豆种质收集材料中出现的一个白花野生大豆植株,证明其是由PI424008A突变而来^[4]。Concibido等(2003)通过分析一个来源于HS-1和PI407305(野生大豆)种间杂交包括265个单株的BC₂群体,发现一个增产的QTL,在2年多点的试验中,在此QTL位点携带PI407305单元型的个体比不携带的个体表现9.1%的产量优势^[5]。Wang等(2004)利用一个野生大豆材料PI468916作为供体亲本,一个栽培大豆品种IA2008作为回交亲本建立了5个BC₂F₄群体进行QTL作图,发现4个来源于野生亲本对产量有正效应的QTL^[6]。在野生大豆的天然异交率研究方面,Fujita等(1997)用同工酶方法检测了分布于日本某河流沿岸的四个野生大豆天然群体,发现居群间的异交率高达19%,平均值为13%^[7]。Yuichiro等(2002)对野生大豆和栽培大豆的受控实验中用同工酶方法检测到23个野生大豆植株中有17.4%与栽培大豆发生了杂交,每一单株的异交率最高达5.9%,平均值为0.73%^[8]。在野生大豆的遗传多样性方面,Seitova等(2004)通过利用RAPD标记研究俄罗斯远东地区的野生大豆群体,发现野生大豆RAPD标记的多态性明显高于栽培大豆^[9]。Choi Ik Young等(1999)利用SSR标记分析从韩国5条主要河流边收集的野生大豆群体,他们的分析结果表明这些野生大豆群体的遗传多样性和遗传分化系数都明显高于栽培大豆^[10]。此外,野生大豆还被用于利用大豆三体将大豆分子连锁群与大豆染色体对应起来的研究中^[11]。

从80年代至今,我国学者对野生大豆分别从农艺性状、生化性状、生态性状、品质化学性状、抗病性状、分子生物学等方面进行了多学科的研究^[12-21],发现野生大豆较栽培大豆具有更为丰富的变异类型。在遗传多样性方面,许东河等(1999)选用来自全国各地的一年生野生大豆200余份材料,从形态性状、等位酶标记和细胞器DNA RFLP标记的遗传丰富度和遗传离散度两方面分析了中国野生大豆群体的遗传多样性,结果表明:中国野生大豆天然群体存在着遗传分化,各地理生态群体间的遗传多样性水平不同,南方群体最高,黄淮海群体次之,东北群体最低,南方为一年生野生大豆的遗传多样性中心,也可能是起源中心^[22]。董英山等(2001)根据《中国野生大豆资源目录》中记载的13个性状的数据对6172份野生大豆资源进行了遗传多样性、综合变异系数和地理分布的统计分析,认为东北中南部、黄河中下游和秦岭山区、东南沿海地区的野生大豆遗传多样性丰富、综合变异系数高^[23]。

3 野生大豆资源评价与利用研究

作物种质资源是培育作物新品种,开展生物技术研究和发展农业生产的物质基础。国内外育种实践证明,狭窄的遗传基础已成为作物育种难以突破的瓶颈,不仅限制了产量和品质的进一步改良,而且使得作物对生物性和非生物性环境胁迫的脆弱性增加。目前栽培大豆品种在世界范围内都存在遗传基础狭窄的隐患,大多数育成品种都来自少数几个祖先亲本,一旦病虫害流行将给大豆生产造成无法估量的损失,如果能加强野生大豆资源的研究利用,将会极大拓宽栽培大豆的遗传基础。曾引起我国政府高度重视的美国孟山都公司申请"培育和筛选高产大豆植株的方法及高产大豆植株"专利事件中的高产大豆就是通过利用一个中国野生大豆资源获得的,这也为我们敲响了警钟,自己手中的资源如果不加以利用,一旦流失到别人手中为其所用,很可能会限制我们自己的发展。

对野生大豆进行全面的评价是有效利用野生大豆资源的基础。经过多年的研究,我国科研工作者在野生大豆中筛选出很多优异资源(高蛋白^[24]、高产^[25]、耐盐^[26]、抗旱^[27]、抗大豆SMV^[28,29]、抗大豆SCN^[30]、抗蚜虫^[31]等)。在野生大豆利用方面也开展了很多工作,取得很大进展。在大豆不育系方面,吉林省农科院利用野生大豆通过远缘杂交的途径,

在世界上首次获得了具有野生表现型的大豆质核互作不育系及同型保持系, 并育成世界上第一个大豆杂交种“杂交豆 1 号”, 2003 年通过吉林省品种审定。在野生大豆直接利用方面, 杨光宇等^[32] (1996) 通过对大豆和野生大豆种间 458 个杂交组合与 307 个回交组合的研究分析, 总结出包括亲本选配、直立型植株选择、后代性状选择、回交改良等野生大豆的直接利用技术, 并利用此技术选育出一系列出口特用型吉林小粒豆品种, 目前吉林小粒豆 7 号已经通过品种审定; 黑龙江省农科院育种所也利用野生大豆资源育成“龙小粒豆 1 号”种间杂交种, 2003 年通过黑龙江省品种审定; 中国农科院品资所利用野生大豆资源育成“中野 1 号”、“中野 2 号”大豆品种, 分别于 1999 年和 2002 年通过北京市品种审定; 福建省农科院利用野生大豆资源创造出“科杂 1 号”豆科绿肥品种, 2003 年通过福建省品种审定。此外, 利用野生大豆资源还培育出一大批高蛋白中间材料^[33-35] 和高产中间材料^[33-36]。大量的野生大豆研究利用结果表明, 野生大豆不仅能应用于栽培大豆的育种程序中, 增加大豆的遗传多样性, 拓宽大豆的遗传基础, 而且随着分子生物学研究的飞速发展和基因工程技术研究的突飞猛进, 作为拥有多花多荚、繁殖系数高、产量性状突出、高蛋白、抗病抗逆性强等众多优良性状的野生大豆还可以作为优良的基因源被越来越广泛地应用于各种作物的育种中, 显示出其广阔的利用前景。

4 今后野生大豆研究的几点建议

4.1 对野生大豆资源进行补充考察与收集

野生大豆在中国的分布范围非常广, 野生大豆资源的考察收集工作决不是几年就能完成的, 需要一个长期的连续的过程。80 年代初的野生大豆考察虽然初步明确了野生大豆的生存条件和在我国的分布范围, 但由于人力物力等诸多原因考察并不全面, 各省考察和收集的程度并不相同。东北地区考察比较全面, 南方一些省(四川、湖南、广东、云南、广西、江西等省)仅考察了部分县(市), 收集资源仅几十份, 而上海和天津甚至并没有进行野生大豆资源收集。美国孟山都公司高产大豆专利中的那份野生大豆资源其实就是来源于上海。所以我们有必要对以前收集力度不够的地区进行重点的考察和收集。

2004 年对江西省野生大豆资源进行了全面的考察和收集, 以前国家种质库中仅保存江西省野生

大豆资源 64 份, 分布于 37 个县(市), 本次共考察 65 个县(市), 在其中 52 个县(市)发现有野生大豆分布, 新发现野生大豆分布点 15 个, 新收集野生大豆资源 202 份。即使对于以前考察比较全面的东北三省和山西省, 重新考察中也发现了 24 个新的分布点。而且通过我们的研究发现经过 20 多年的变化, 已经收集地区的野生大豆资源也发生了很大的变异, 出现了很多新的类型, 这说明对已经考察收集过的地区进行重新收集是有价值的, 可以进一步充实和丰富我国的大豆基因库, 而且也验证了前苏联学者瓦维洛夫关于植物资源过一定时间就需要重新收集的论点^[37]。

4.2 加强野生大豆重要性状鉴定、优异资源筛选和新种质创新

作物资源研究的最终目的是为科研和生产服务。种质资源的筛选和鉴定对育种工作起着十分关键的作用。我国登记的大豆资源中, 野生大豆占有相当的比例, 但在大豆生产中对野生大豆的利用程度却与其重要性不相称, 这主要是由于对野生大豆资源的鉴定和筛选工作不够, 对重要基因资源的发掘不够。这一方面是由于鉴定的性状全面, 有很多重要的经济性性状鉴定工作还没有开展, 如抗病虫、抗逆境、耐低营养因子和异黄酮含量等。以前野生大豆资源评价只限于农艺性状的鉴定和评价(出苗期、成熟期、主茎、茸毛色、花色、叶形、粒色、脐色、子叶色、泥膜、百粒重), 从野生大豆利用的角度考虑, 一些重要性状(如产量、抗病性、抗虫性、耐逆性、光温反应、品质等)的鉴定需要加强。另一方面, 由于筛选的种质不够全面, 很多重要性状的筛选与鉴定工作只集中在部分野生大豆种质之中, 很多种质还没有开展此方面的研究。第三, 目前野生大豆种质资源评价基本上还停留在表型水平, 在基因水平上的评价工作相对薄弱, 而对种质资源进行基因水平评价, 不仅能够发掘新基因, 而且可以提高资源选择利用的目的性。

大豆种质资源创新是大豆育种获得新突破的重要因素。目前狭窄的遗传基础不仅限制了产量和品质的进一步改良, 而且使得作物对生物性和非生物性环境胁迫的脆弱性增加。在基因水平上对优异种质进行分析, 不仅能够极大地提高种质资源的利用效率, 而且能够发掘在育种和生产中起关键性作用的新基因。在利用野生大豆资源创造新种质方面, 由于偏重高蛋白、高产等单一性状而导致了所创造的新种质往往滞后于利用的现象, 在今后的种质创

新工作中应该加强多个优异基因的聚合, 为大豆育种创造出优异的新资源。

4.3 加强野生大豆保护遗传学方面的研究

野生大豆由于在长期的自然选择中形成了丰富的变异类型, 对病虫害有较强的抗性, 对环境具有较强的适应性, 携带着高产、抗病、抗虫、抗旱、耐冷、耐盐、耐瘠薄等基因, 是选育新品种, 开展生物技术研究取之不尽, 用之不竭的基因来源。我国已经编目入国家长期库保存的野生大豆资源有 6570 份, 种质库异地保存对于野生大豆虽然是一种安全、有效的保护方式, 还具有随时为育种家和研究者提供研究材料的优越性, 但异位保存方法是静态的保护, 不利于野生大豆的进化, 因为只有原有生态环境下保存, 才能使其在与环境的相互作用下, 不断产生变异, 从而演化出适应恶劣环境条件的基因, 为人类不断发掘和利用这些基因提供来源。因此, 原生境保存是保护野生大豆资源的最有效方法。

保护遗传学 (conservation genetics) 的研究始于上世纪 80 年代, 研究内容主要分为两个方面, 一是探讨物种各种群遗传变异, 通过各种群遗传多样性的调查研究, 了解各种群遗传结构及其相互关系, 确定种群保护和利用的优先级; 二是了解物种 (种群) 进化历史, 主要利用系统发育和地理系统发育了解物种 (种群) 的进化历史, 明确物种 (种群) 在进化中所处的地位, 为物种保护提供信息^[42]。对野生大豆资源的保护实质上是对野生大豆遗传多样性的保护。遗传多样性最直接的表现形式是遗传变异水平的高低。野生大豆种群在自然界有其特定的分布格局, 因此野生大豆遗传多样性不仅包括变异水平的高低, 同时也包括变异的分布格局, 即野生大豆种群的遗传结构。一个物种的进化潜力和抵御不良环境的能力既取决于种内遗传变异的大小, 同时也有赖于遗传结构。国内外虽然有一些野生大豆遗传多样性方面的研究, 但这些研究多以保存在种质库中的野生大豆为材料, 仅有少数研究者用野生大豆的天然分布群体作为实验材料^[38-40], 由于研究目的不同, 这些学者仅研究了个别地区的天然群体。对中国一年生野生大豆天然群体的遗传多样性系统全面的研究至今未见报道。对野生大豆资源的有效保护应该建立在了解野生大豆的整体多样性水平、群体遗传结构、及生境多样性等状况的基础上制定合理有效的保护策略。

野生大豆在我国分布很广, 虽然理论上野生大豆的所有种群都有保护价值, 但实际上相对于有限

的资金投入, 如何确定最有价值的优先保护种群就成为了一个重要的问题。重要物种优先保护种群的确定不仅可以反映出不同种群对该物种的贡献率和重要程度, 同时对于重要物种的有效保护也具有十分重要的应用价值^[41]。确定生物不同种群的优先保护顺序首先应该考虑如何才能最有效地保护物种的进化潜能, 即保护该物种的遗传变异性, 因为遗传变异性是物种适应变化环境的基础。目前确定优先保护种群的方法主要有 3 类, 分别为基于遗传变异 (尤其是等位基因多样性) 来确定优先保护的顺序, 但忽略了种群之间的遗传差异性, 这容易使存在于遗传变异程度较低的种群中的特有等位基因得不到有效保护; 而基于遗传差异性的方法 (如确定进化显著单元) 则是从遗传分化程度的角度考虑优先性, 即独特性越强的种群越具有保护价值^[41]; 基于遗传贡献率的方法由于综合考虑了遗传多样性和差异性, 最适合于确定哪些种群需要优先保护, 因此在野生大豆中开展此项研究十分有必要。

参 考 文 献

- 1 徐豹. 中国野生大豆研究十年[J]. 吉林农业科学, 1989, (1): 1—9.
- 2 庄炳昌. 中国野生大豆研究二十年[J]. 吉林农业科学, 1999, 24(5): 3—10.
- 3 李福山. 中国野生大豆资源的地理分布及生态分化研究[J]. 中国农业科学, 1993, 26(2): 47—55.
- 4 Y. Chen, R. L. Nelson. Identification and Characterization of a White-Flowered Wild Soybean Plant[J]. Crop Sci., 2004, 44(1): 339—342.
- 5 V. C. Conceição, B. La Valle, P. McIaird, et al. Introgression of a quantitative trait locus for yield from *Glycine soja* into commercial soybean cultivars[J]. Theor Appl Genet., 2003, 106: 575—582.
- 6 D. Wang, G. L. Graef, A. M. Procopiuk, et al. Identification of putative QTL that underlie yield in interspecific soybean back-cross populations[J]. Theor Appl Genet., 2004, 108: 458—467.
- 7 Fujita R, M Oham, K Okazaki, et al. The extent of natural cross-pollination in wild soybean (*Glycine soja*) [J]. Journal of Heredity., 1997, 88: 124—128.
- 8 Yuichiro N, N Hirofumi. Natural hybridization in wild soybean (*Glycine max ssp. soja*) by pollen flow from cultivated soybean (*Glycine max ssp. max*) in a designed population[J]. Weed Biology and Management., 2002, 2: 25—30.
- 9 Seitova A. M., Ignatov A. N., Suprunova T. P., et al. Genetic Variation of Wild Soybean *Glycine soja* Sieb. et Zucc. in the Far East Region of the Russian Federation[J]. Russian Journal of Genetics., 2004, 40(2): 165—171.

- 10 Choi IkYoung, Kang JungHoon, Song HiSup, et al. Genetic diversity measured by simple sequence repeat variations among the wild soybean, *Glycine soja*, collected along the riverside of five major rivers in Korea[J]. Genes and Genetic Systems. 1999, 74 (4): 169—177.
- 11 Zou JJ, Singh RJ, Lee J, et al. Assignment of molecular linkage groups to soybean chromosomes by primary trisomics[J]. Theor Appl Genet. 2003, 107(4): 745—50.
- 12 陆静梅, 刘友良, 胡波, 等. 中国野生大豆盐腺的发现[J]. 科学通报, 1998, 43(19): 2074—2078.
- 13 李军, 陶芸, 郑师章, 等. 同工酶水平上野生大豆种群内分化的研究[J]. 植物学报, 1995, 37(9): 669—676.
- 14 李军, 钱波, 郑师章, 等. 野生大豆种子库中同工酶水平的遗传多样性的初步研究[J]. 应用生态学报, 1998, 9(2): 145—149.
- 15 曹凯鸣, 袁卫明, 詹树萱, 等. 野生大豆 *rbcS* 基因的克隆及结构分析[J]. 植物学报, 1996, 38(9): 753—765.
- 16 惠东威, 庄炳昌, 陈受宜, 等. RAPD 重建的大豆属植物的亲缘关系[J]. 遗传学报, 1996, 23(6): 460—468.
- 17 庄炳昌, 王玉民, 徐豹, 等. 中国不同纬度不同进化类型大豆的 RAPD 分析[J]. 科学通报, 1994, 39(23): 2178—2180.
- 18 张德水, 董伟, 惠东威, 等. 用栽培大豆与半野生大豆间的杂种 F_2 群体构建基因组分子标记连锁框架图[J]. 科学通报, 1997, 42 (12): 1326—1330.
- 19 徐豹, 徐航, 庄炳昌, 等. 中国野生大豆 (*G. soja*) 籽粒性状的遗传多样性及其地理分布[J]. 作物学报, 1995, 21(6): 733—739.
- 20 庄炳昌, 徐航, 王玉民, 等. 中国野生大豆 (*Glycine soja*) 茎叶性状的多态性及其地理分布[J]. 作物学报, 1996, 22(5): 583—586.
- 21 徐豹, 庄炳昌, 徐航, 等. 中国野生大豆脂肪含量的多态性及其地理分布[J]. 大豆科学, 1993, 12: 269—274.
- 22 许东河, 高忠, 田清震, 等. 中国一年生野生大豆群体的遗传多样性研究[J]. 应用与环境生物学报, 1999, 5(5): 439—443.
- 23 Y.S. Dong, B.C. Zhuang, L.M. Zhao, et al. The genetic diversity of annual wild soybeans grown in China[J]. Theor Appl Genet. 2001, 103: 98—103.
- 24 徐豹, 张明, 路琴华, 等. 野生大豆的高含硫氨基酸种质[J]. 大豆科学, 1993, 12(3): 265—266.
- 25 杨光宇, 郑惠玉, 韩春风, 等. 克服种间杂种蔓生、小粒等不良性状技术的初步研究[J]. 大豆科学, 1993, 12(4): 275—282.
- 26 庄炳昌. 东北大豆种质资源拓宽与改良[M]. 哈尔滨: 黑龙江科技出版社, 215—217.
- 27 史宏, 刘学义. 野生大豆抗旱性鉴定及研究[J]. 大豆科学, 2003, 22(4): 264—268.
- 28 孙永吉, 刘玉芝, 胡吉成, 等. 野生大豆抗花叶病毒研究[J]. 大豆科学, 1991, 10(3): 212—216.
- 29 来永才, 林红, 方万程, 等. 野生大豆资源在大豆种质拓宽领域中的应用[J]. 沈阳农业大学学报, 2004, 35(3): 184—188.
- 30 林红, 姚振纯. 黑龙江省野生大豆资源的评价和利用[J]. 中国油料作物学报, 1989, (4): 18—20.
- 31 岳德荣, 谢为民. 野生大豆 (*G. soja*) 抗蚜研究 I 抗源筛选[J]. 吉林农业科学, 1988, (3): 15—19.
- 32 杨光宇, 郑惠玉, 韩春风, 等. 野生大豆直接利用技术[J]. 中国农业科学, 1996, 29(5): 95—96.
- 33 王金陵. 野生大豆蛋白质含量和性状间相关及通径分析[J]. 东北农学院学报, 1984, 17(1): 1—5.
- 34 姚振纯, 林红. 大豆优异种间杂交新种质选育进展[J]. 大豆科学, 1993, 12(3): 196.
- 35 吴冈梵. 栽培大豆与野生大豆杂交问题的探讨[J]. 中国油料, 1988, (2): 4—7.
- 36 杨光宇, 刘凯, 郑惠玉, 等. 小粒黄豆新品种吉林小粒 4 号的选育报告[J]. 吉林农业科学, 2001, 26(1): 21—23.
- 37 李向华, 田子昱, 李福山. 新考察收集野生大豆与已保存野生大豆的遗传多样性比较[J]. 遗传资源学报, 2003, 4(4): 345—349.
- 38 钱吉, 陈庠, 郑师章, 等. 不同纬度野生大豆种群间的遗传变异[J]. 复旦学报, 1998, 37(2): 208.
- 39 Jin Y, Zhang WJ, Fu DX, et al. Sampling strategy within a wild soybean population based on its genetic variation detected by ISSR markers[J]. Acta Botanica Sinica, 2003, 45(8): 995—1002.
- 40 胡志昂, 王洪新. 北京地区野大豆天然群体遗传结构[J]. 植物学报, 1985, 27(6): 599—604.
- 41 陈小勇, 陆慧萍, 沈浪, 等. 重要物种优先保护种群的确定[J]. 生物多样性, 2002, 10(3): 332—338.
- 42 王峥嵘, 彭少麟. 植物保护遗传学[J]. 生态学报, 2003, 23(1): 158—166.

RESEARCH PROGRESS OF WILD SOYBEAN (*Glycine soja*) AND SUGGESTIONS FOR IMPROVING ITS EFFECTIVE UTILIZATION AND PROTECTION

Li Xianghua Wang Kejing Li Fushan Yan Maofen

(Crop Science Institute of Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081)

Abstract *Glycine soja*, the wild progenitor of soybean, is a potential source of useful genetic variation in soybean improvement. In this paper, the research progress on germplasm collection, identification and utilization of wild soybean in recent years were introduced. Based on the present research situation, some suggestions for improving the effective utilization and promoting the effective protection of wild soybeans were pointed out.

Key words Wild soybean; Research progress; Utilization; Protection