

东北地区大豆种质遗传多样性的 SRAP 标记分析

张春宝^{1,2}, 邱红梅^{1,2}, 赵洪锟^{2,3}, 彭 宝^{1,2}, 赵丽梅^{1,2}, 董英山^{2,3}

(1. 吉林省农业科学院 大豆研究所, 吉林 长春 130033; 2. 大豆国家工程研究中心, 吉林 长春 130033; 3. 吉林省农业科学院 农业生物技术研究所, 吉林 长春 130033)

摘要: 利用 12 对 SRAP 引物对东北地区 20 份大豆材料进行了遗传多样性分析。结果表明: 12 对引物组合共扩增出 1 527 条多态性条带, 各材料之间的遗传相似系数为 0.286 9~0.598 0, 平均相似系数为 0.444 3, 显示了东北大豆种质丰富的遗传多样性。经 UPGMA 聚类分析, 在阈值 0.46 处, 可将供试材料分为 6 大类群, 其中黑、吉两省大豆材料及国外种质间遗传相似度较高。研究表明, 遗传改良和定向选择造成大豆品种间遗传背景日趋狭窄和混乱, SRAP 分子标记技术能有效地分析大豆材料的遗传多样性和亲缘关系。

关键词: 大豆; 种质; SRAP 标记; 遗传多样性

中图分类号: S565.1

文献标识码: A

文章编号: 1000-9841(2014)01-0017-06

Genetic Diversity Analysis of Soybean Germplasm in Northeast Region of China by SRAP Markers

ZHANG Chun-bao^{1,2}, QIU Hong-mei^{1,2}, ZHAO Hong-kun^{2,3}, PENG Bao^{1,2}, ZHAO Li-mei^{1,2}, DONG Ying-shan^{2,3}

(1. Soybean Research Institute, Jilin Academy of Agricultural Sciences, Changchun 130033, China; 2. National Engineering Research Center for Soybean, Changchun 130033, China; 3. Agro-Biotechnology Research Institute, Jilin Academy of Agricultural Sciences, Changchun 130033, China)

Abstract: To study the genetic diversity of soybean germplasm in northeast region of China, 12 pairs of SRAP primers were used to screen the genetic diversity of 20 soybean lines, and a total of 1 527 SRAP polymorphic bands were detected. The genetic similarity coefficient among the tested cultivars ranged from 0.286 9 to 0.598 0, averaging 0.444 3. It shows genetic diversity among soybean germplasm. The tested cultivars were divided into six groups based on the UPGMA cluster analysis. It indicates that there are highly genetic similarity among soybean germplasm in Heilongjiang, Jilin provinces and foreign region. It shows that genetic improvement and directional selection causes narrowness and confusion in the genetic backgrounds of soybean. However, SRAP maker can be applied to study the genetic diversity of soybean effectively.

Key words: Soybean; Germplasm; Sequence-related amplified polymorphism; Genetic diversity

东北地区是我国大豆主产区之一, 育种家通过杂交、引种等手段, 进行遗传改良和有目的的定向选择, 选育了大量适于当地生产的大豆新品种及其衍生系, 在生产和科学研究中也常常出现同物异名、同名异物、品种混杂等现象, 且近些年来大豆种质资源日趋狭窄, 品质和抗逆性越来越差, 严重影响大豆产量和经济效益^[1]。

相关序列扩增多态性 (sequence-related amplified polymorphism, SRAP) 是一种新型的基于 PCR 的标记系统的分子标记^[2]。它具有简便、稳定、共显性、中等产率等特点, 是用于植物遗传多样性研究的一种有效分子标记。目前, SRAP 标记已广泛应用于作物、牧草、花卉和树木的遗传多样性分析。姜树坤等^[3]利用 SRAP 引物对 16 个玉米自交系进行了遗传多样性分析, 将 16 个自交系分为 5 个群, 其划分结果与系谱分析基本一致。张安世等^[4]利

用 SRAP 分子标记技术对 16 个河南省中晚粳新品系进行了遗传多样性研究, 并将供试品系分为 5 类。王茂芊等^[5]对华北地区有代表性的 72 份甜菜材料进行了 SRAP 标记遗传多样性分析, 发现国外引进材料与华北地区自有材料之间确实存在较大差异。李博等^[6]利用 SRAP 分子标记技术对 48 份东北区甜菜单胚品系骨干材料的遗传多样性进行分析, 认为东北区 48 份甜菜单胚品系骨干材料的遗传多样性较为丰富, 利用各类不育系作亲本, 将获得杂交优势好的杂交组合。彭邵锋等^[7]对 14 个油茶良种进行 SRAP 标记的遗传多样性分析, 绘制出油茶良种的分子聚类图, 为油茶良种的后续分子鉴定及分子育种提供了科学基础。Budak 等^[8]利用 SRAP 标记对 53 份野牛草种质进行了遗传多样性分析后认为, SRAP 是一种能够在基因型鉴定及在基因组水平上分析野牛草进化的有效分子标记。白坚等^[9]

收稿日期: 2013-07-13

基金项目: 国家高技术研究发展计划“863 计划”(2012AA101106, 2011AA10A105); 国家自然科学基金(31300282, 31000141); 吉林省科技发展计划项目(20130102050JC)。

第一作者简介: 张春宝(1980-), 男, 博士, 副研究员, 主要从事大豆遗传育种研究。E-mail: chzhang@126.com。

通讯作者: 董英山(1963-), 男, 博士, 研究员, 主要从事大豆遗传资源研究。E-mail: ysdong@cjaas.com。

采用 SRAP 分子标记技术对来自四川、台湾、广东的 47 个建兰品种的遗传多样性进行分析后认为由于人工驯化,造成了建兰品种遗传背景的混乱,而 SRAP 分子标记技术能有效地分析建兰品种的遗传多样性和亲缘关系。陈罡等^[10]采用 SRAP 分子标记技术对 17 个采自辽宁不同地区的杨树材料进行了遗传多样性研究。通过 UPGMA 聚类分析将 17 个杨树材料分为 4 个群,其划分结果与传统分类基本一致,证明 SRAP 标记是一种适于杨树遗传多样性研究的分子标记。Youssef 等^[11]对芭蕉属的 40 份材料进行 SRAP 标记遗传多样性分析,发现 SRAP 标记能有效地区分正蕉组的 3 种野生蕉,也能在热带栽培种中准确地区分芭蕉和烹调香蕉。

本试验采用 SRAP 标记对 20 份大豆种质材料进行亲缘关系及遗传多样性分析,以期为东北地区大豆品种选育和遗传改良工作中的种质资源引进、杂交组合亲本选择以及分子标记辅助选择育种提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 材料

试验所用 20 份大豆种质,包括 14 份东北地区大豆品种;5 份国外引进品种(系);1 份地方品种(表 1)。所有材料由本实验室引进保存。

表 1 供试大豆材料和特征

Table 1 Experimental soybean materials and characteristics

| 序号 No. | 名称 Cultivar | 花色 Flower color | 叶形 Leaf shape | 结荚习性 Pod bearing habit | 毛色 Hair color | 脐色 Hilum color | 来源 Source |
|-----------|----------------|--------------------|------------------|---------------------------|------------------|-------------------|--------------|
| 1 | 合丰 29 | 紫 | 圆 | 无限 | 灰 | 黄 | 黑龙江 |
| 2 | 合丰 33 | 白 | 尖 | 亚有限 | 灰 | 黄 | 黑龙江 |
| 3 | 合丰 34 | 紫 | 尖 | 亚有限 | 灰 | 黄 | 黑龙江 |
| 4 | 合丰 43 | 白 | 尖 | 亚有限 | 灰 | 浅黄 | 黑龙江 |
| 5 | 合丰 50 | 紫 | 尖 | 亚有限 | 灰 | 浅黄 | 黑龙江 |
| 6 | 合丰 51 | 紫 | 尖 | 亚有限 | 灰 | 浅黄 | 黑龙江 |
| 7 | 绥农 4 号 | 紫 | 尖 | 亚有限 | 灰 | 黄 | 黑龙江 |
| 8 | 绥农 8 号 | 紫 | 圆 | 亚有限 | 灰 | 黄 | 黑龙江 |
| 9 | 绥农 14 | 紫 | 尖 | 亚有限 | 灰 | 黄 | 黑龙江 |
| 10 | 吉育 47 | 白 | 圆 | 亚有限 | 灰 | 黄 | 吉林 |
| 11 | 吉育 58 | 紫 | 尖 | 亚有限 | 灰 | 黄 | 吉林 |
| 12 | 吉育 93 | 紫 | 圆 | 亚有限 | 灰 | 黄 | 吉林 |
| 13 | 吉育 401 | 白 | 尖 | 亚有限 | 灰 | 黄 | 吉林 |
| 14 | 吉科豆 3 号 | 白 | 尖 | 亚有限 | 灰 | 黄 | 吉林 |
| 15 | 吉引 81 | 紫 | 圆 | 亚有限 | 棕 | 蓝 | 美国 |
| 16 | 斯坦 3260 | 白 | 圆 | 亚有限 | 灰 | 黄 | 美国 |
| 17 | 选 3 | 紫 | 圆 | 亚有限 | 灰 | 黄 | 美国 |
| 18 | A3127 | 紫 | 圆 | 无限 | 棕 | 黑 | 美国 |
| 19 | 意 3 | 紫 | 圆 | 有限 | 棕 | 黑 | 美国 |
| 20 | 珍珠塔 | 白 | 圆 | 亚有限 | 灰 | 黄 | 地方 |

1.2 方法

1.2.1 DNA 的提取 基因组 DNA 的提取采用本实验室改良的 SDS 法^[12],用 0.8% 的琼脂糖凝胶电泳检测提取的 DNA 质量。用微量紫外分光光度计测其浓度,将样品稀释到 20 ng·μL⁻¹,置 -20℃ 冰

箱中保存。

1.2.2 SRAP 引物筛选及 SRAP 扩增产物的检测 用 4 个有代表性的品种(合丰 50、绥农 14、吉育 47 和意 3)对 64 对 SRAP 标记组合进行随机引物筛选。选出 12 对多态性高、易于区分的引物组合

(Me1 × Em3、Me1 × Em5、Me2 × Em3、Me2 × Em7、Me3 × Em3、Me4 × Em4、Me5 × Em1、Me5 × Em8、Me6 × Em4、Me6 × Em8、Me7 × Em5 和 Me8 × Em1) 检测供试大豆材料,引物信息见表 2。在 25 μL SRAP-PCR 体系中,含 2.5 μL 10 × Buffer,150 μmol · L⁻¹ dNTP,1.5 mmol · L⁻¹ MgCl₂,1 U *Taq* DNA 聚合酶,各 60 ng 上下游 SRAP 引物,40 ng 基因组 DNA 模

板,ddH₂O 补齐。反应程序为 94℃ 预变性 5 min;94℃ 1 min,35℃ 1 min,72℃ 1 min,35 个循环;最后 72℃ 延伸 10 min;4℃ 保存。采用 ABI 377 测序仪进行 SRAP 扩增产物多态性分析。预电泳 30 min 后点样,电压 1 200 V,在电泳大约 1 h 后,测序仪激光管开始收集条带,电泳 2.5 h 后,打开胶图,进行电泳条带统计。

表 2 筛选的 SRAP 引物及其碱基序列

Table 2 Names and sequences of candidates SRAP forward and reverse primers

| 引物名称 Primers | 序列(5'-3') Sequence(5'-3') | 引物名称 Primers | 序列(5'-3') Sequence(5'-3') |
|-----------------|------------------------------|-----------------|------------------------------|
| Me1 | TGAGTCCAAACCGGATA | Em1 | GACTGCGTACGAATTAAT |
| Me2 | TGAGTCCAAACCGGAGC | Em3 | GACTGCGTACGAATTGAC |
| Me3 | TGAGTCCAAACCGGAAT | Em4 | GACTGCGTACGAATTTGA |
| Me4 | TGAGTCCAAACCGGACC | Em5 | GACTGCGTACGAATTAAC |
| Me5 | TGAGTCCAAACCGGAAG | Em7 | GACTGCGTACGAATTCAA |
| Me6 | TGAGTCCAAACCGGTAA | Em8 | GACTGCGTACGAATTAGC |
| Me7 | TGAGTCCAAACCGGACA | | |
| Me8 | TGAGTCCAAACCGGTGT | | |

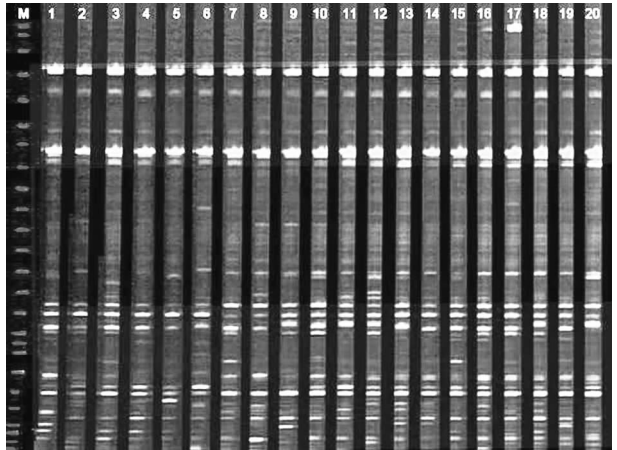
1.2.3 SRAP 数据统计分析 采用 GENESCAN 3.1 软件对胶图进行数据提取,安装胶图的 MATRIX,选择合适的内标并设置合适的分析参数,分析得到的结果。通过 Binthere 软件设置片段大小的范围,导入数据,选择相应的荧光标记的颜色并选择合适的内标,通过分析获得 XLS 格式分析结果。将 Excel 表内数值不为 0 的转换为 1(数值为 0 的不转换),从而生成由“1”和“0”组成的原始矩阵。将数据用 NTSYSpc 2.10 软件的 SHAN Clustering 程序进行聚类,按照 UPGMA 方法进行聚类分析,并通过 Tree plot 程序生成聚类图。

2 结果与分析

2.1 不同引物的扩增结果

提取高质量的 DNA 是 SRAP 分子标记研究的基础。本试验采用改良 SDS 法提取大豆基因组 DNA,经 0.8% 的凝胶电泳检测,条带清晰,无拖尾和弥散现象,符合 SRAP 实验要求。

用筛选出的 12 对引物对供试材料进行扩增,重复 2 次。以 ABI377 测序仪进行电泳检测,获得的原始数据通过 GENESCAN 软件进行分析,软件每 2 个碱基读数 1 次,选取 ROX500 作为分子量内标(图 1)。通过检测,共扩增出 1 527 条多态性条带,每对引物组合扩增出的谱带数为 104 ~ 150 条,平均为 128 条。



1 ~ 20 依次为 20 份大豆样品;M:ROX500 分子量内标,从小到大,片段大小依次为:70,80,90,100,120,140,160,180,190,200,220,240,260,280,300,320,340,360,380,400,425,450,475,490,500(bp),共 25 条带。

1-20:Soybean samples;M:ROX500 Maker fragment size as follows:70,80,90,100,120,140,160,180,190,200,220,240,260,280,300,320,340,360,380,400,425,450,475,490,500 (bp), with a total of 25 fragments.

图 1 引物组合 Me2/Em3 的对大豆材料的
多态性检测结果

Fig.1 Polymorphism among soybean samples
detected by primer combination of Me2/Em3

2.2 遗传多样性分析

将 12 对引物组合扩增出的 1 527 条电泳谱带建立 0,1 数据库,利用计算出的各材料间的遗传相

似系数对供试大豆材料进行遗传多样性分析(表 3)。结果表明,各大豆品种之间遗传相似系数的变幅为0.286 9~0.598 0,平均值为 0.444 3。其中合丰 50 和吉育 58 间的遗传相似系数最小,为 0.286 9,说明二者之间存在较大的遗传差异;珍珠塔和斯坦 3260 间的遗传相似系数最大,为 0.598 0,表明它们之间的具有较小的遗传差异。珍珠塔和

5 份国外种质、14 份国内品种之间的平均遗传相似系数分别为 0.514 8、0.463 7,显示珍珠塔的遗传物质和国外种质更相近。国外、国内种质间平均遗传相似系数分别为 0.494 5、0.433 5,表明国外种质较国内种质遗传基础狭窄。国内种质合丰号、吉育号和绥农号品种的平均遗传相似系数分别为 0.398 6、0.419 1 和 0.483 3,表明绥农号品种的遗传差异较小。

表 3 供试大豆材料相似性系数
Table 3 Similarity coefficient of experimental soybean materials

| | 合丰 34 | 合丰 43 | 吉科 豆 3 | 绥农 4 号 | 绥农 8 号 | 吉育 47 | 珍珠塔 | 合丰 29 | 绥农 14 | 斯坦 | 选 3 | 吉育 58 | 吉育 401 | 吉引 81 | 合丰 50 | 合丰 33 | A3127 | 意 3 | 吉育 93 | 合丰 51 |
|--------------------|----------|----------|-----------|-----------|-----------|----------|--------|----------|----------|--------|--------|----------|-----------|----------|----------|----------|--------|--------|----------|----------|
| 合丰 34 Hefeng 34 | 1.0000 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| 合丰 43 Hefeng 43 | 0.4396 | 1.0000 | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| 吉科豆 3 号 Jikedou 3 | 0.3886 | 0.4892 | 1.0000 | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| 绥农 4 号 Suinong 4 | 0.4200 | 0.5502 | 0.4752 | 1.0000 | | | | | | | | | | | | | | | | |
| 绥农 8 号 Suinong 8 | 0.4179 | 0.5349 | 0.5110 | 0.5210 | 1.0000 | | | | | | | | | | | | | | | |
| 吉育 47 Jiyu 47 | 0.4000 | 0.5520 | 0.4419 | 0.4975 | 0.5089 | 1.0000 | | | | | | | | | | | | | | |
| 珍珠塔 Zhenzhuta | 0.4212 | 0.5202 | 0.4420 | 0.4617 | 0.4613 | 0.4543 | 1.0000 | | | | | | | | | | | | | |
| 合丰 29 Hefeng 29 | 0.4117 | 0.4937 | 0.4164 | 0.4442 | 0.4564 | 0.4581 | 0.5300 | 1.0000 | | | | | | | | | | | | |
| 绥农 14 Suinong 14 | 0.4209 | 0.5170 | 0.3832 | 0.4645 | 0.4644 | 0.4678 | 0.5595 | 0.5124 | 1.0000 | | | | | | | | | | | |
| 斯坦 3260 Sitan 3260 | 0.4597 | 0.5199 | 0.4066 | 0.5007 | 0.4496 | 0.4835 | 0.5980 | 0.5460 | 0.5574 | 1.0000 | | | | | | | | | | |
| 选 3 Xuan 3 | 0.4046 | 0.5095 | 0.4233 | 0.4436 | 0.4387 | 0.4693 | 0.5679 | 0.5092 | 0.5767 | 0.5654 | 1.0000 | | | | | | | | | |
| 吉育 58 Jiyu 58 | 0.4257 | 0.4384 | 0.4007 | 0.3903 | 0.4006 | 0.4162 | 0.4936 | 0.4778 | 0.4986 | 0.4977 | 0.5408 | 1.0000 | | | | | | | | |
| 吉育 401 Jiyu 401 | 0.4217 | 0.4934 | 0.4202 | 0.4603 | 0.4410 | 0.4526 | 0.4444 | 0.4491 | 0.4662 | 0.5134 | 0.4538 | 0.4204 | 1.0000 | | | | | | | |
| 吉引 81 Jiyin 81 | 0.4141 | 0.4855 | 0.3895 | 0.4349 | 0.4206 | 0.5096 | 0.4825 | 0.4205 | 0.4756 | 0.5000 | 0.4873 | 0.4451 | 0.5559 | 1.0000 | | | | | | |
| 合丰 50 Hefeng 50 | 0.3416 | 0.3412 | 0.3570 | 0.3188 | 0.3671 | 0.3242 | 0.3359 | 0.3035 | 0.3079 | 0.3327 | 0.3103 | 0.2869 | 0.4056 | 0.3501 | 1.0000 | | | | | |
| 合丰 33 Hefeng 33 | 0.4207 | 0.4745 | 0.3665 | 0.4177 | 0.4243 | 0.4776 | 0.4484 | 0.4183 | 0.4530 | 0.4659 | 0.4677 | 0.3850 | 0.4801 | 0.5604 | 0.3527 | 1.0000 | | | | |
| A3127 | 0.4083 | 0.4470 | 0.3565 | 0.4125 | 0.3735 | 0.3879 | 0.4886 | 0.4273 | 0.4564 | 0.4755 | 0.4687 | 0.4324 | 0.4876 | 0.4903 | 0.3289 | 0.4421 | 1.0000 | | | |
| 意 3 Yi 3 | 0.3557 | 0.4569 | 0.3673 | 0.4101 | 0.4130 | 0.4157 | 0.4368 | 0.4103 | 0.4348 | 0.4633 | 0.4492 | 0.4323 | 0.4529 | 0.5027 | 0.2905 | 0.3983 | 0.5428 | 1.0000 | | |
| 吉育 93 Jiyu 93 | 0.4257 | 0.4250 | 0.3896 | 0.4196 | 0.3956 | 0.3893 | 0.4791 | 0.4150 | 0.4552 | 0.4807 | 0.4817 | 0.4244 | 0.4353 | 0.4505 | 0.3402 | 0.4420 | 0.5256 | 0.5020 | 1.0000 | |
| 合丰 51 Hefeng 51 | 0.3644 | 0.4610 | 0.4040 | 0.4146 | 0.4066 | 0.4148 | 0.4401 | 0.3989 | 0.4502 | 0.4568 | 0.4313 | 0.4128 | 0.4922 | 0.4839 | 0.3127 | 0.4447 | 0.5062 | 0.5237 | 0.5320 | 1.0000 |

2.3 聚类分析

对基于 SRAP 标记建立起来的大豆材料亲缘关系树状图(图 2)进行分析,在 GS = 0.46 处可以将 20 份材料分成 6 大类。第 1 类仅有 1 份材料合丰 34;第 2 类有 5 份材料,分别为合丰 43、吉育 47、绥农 4 号、绥农 8 号和吉科豆 3 号,其中 3 份为黑龙江省育成品种、2 份为吉林省育成品种;第 3 类有 6 份材料,分别为珍珠塔、斯坦、绥农 14、选 3、合丰 29 和

吉育 58,其中含有 2 份国外种质、4 份国内种质;第 4 类有 3 份材料,分别为吉育 401、吉引 81 和合丰 33,其中 1 份为国外种质、2 份为国内种质;第 5 类有 4 份材料,分别为 A3127、意 3、吉育 93 和合丰 51,其中 2 份为国外种质、2 份为国内种质;第 6 类仅为合丰 50。聚类结果验证了遗传相似系数的结果,珍珠塔和斯坦首先聚类在一起。在第 3 类中绥农 14 与选 3 间遗传相似系数高达 0.576 7,首先聚

到一起。第3类含有3个地理来源材料,材料间遗传相似系数为0.535 4,高于绥农号材料间的遗传相

似系数0.483 3。结果表明黑龙江和吉林两省大豆材料及国外种质间遗传相似度较高。

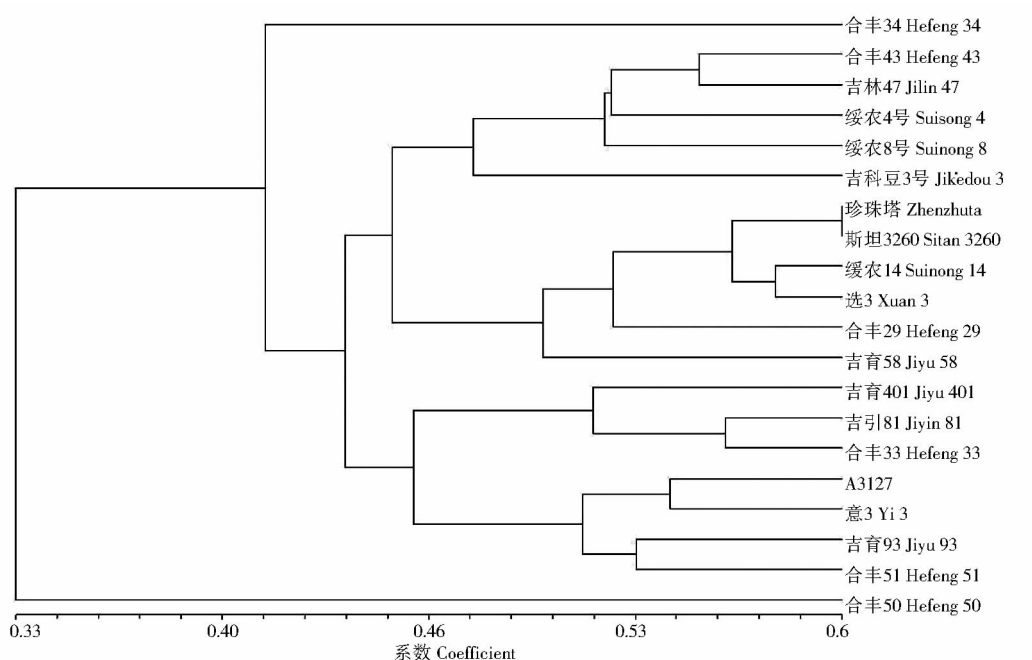


图2 20个大豆品种的UPGMA聚类图

Fig. 2 Dendrogram of 20 soybean cultivars with UPGMA

3 讨论

对20份大豆材料的SRAP标记分析中,12对引物组合扩增后利用GENESCAN软件分析出多态性条带1 527条,平均每对引物组合能检测出128条多态性谱带。周春娥等^[13]利用12对SRAP引物组合对113个大豆品种(系)进行扩增,利用PAGE凝胶电泳检测出多态性条带220条,平均每对引物产生18.3条多态性条带。Baloch等^[14]利用35对SRAP引物组合对21个大豆品种(系)进行扩增,利用PAGE凝胶电泳共检测出多态性条带155条,平均每对引物产生4.5条多态性条带。本文采用GENESCAN软件检测扩增,得到的多态性谱带远高于聚丙烯酰胺凝胶电泳的检测体系,表明本文所用的检测体系具有较高的分辨率。

聚类分析结果表明,我国早期的地方品种与国外种质有更加相似的遗传基础,此结果印证了国外大豆种质的祖先亲本多从我国引入^[15]。我国是大豆的起源地,大豆种质资源丰富。但相关育种单位,多采用几百个优异骨干亲本或优良品种创制新品种,导致大豆品种遗传基础越来越狭窄。目前大豆远缘杂交优势不明显,有甚者产生不良性状。这是大豆资源利用的重要问题之一。通过本文分析可知,地理远缘不代表遗传基础远缘。因此,利用

SRAP标记可有效地分析种质间的遗传多样性。

参考文献

- [1] 高运来,姚丙晨,刘春燕,等. 黑龙江省主栽大豆品种遗传多样性的SSR分析[J]. 植物学报,2009,44(5):556-561. (Gao Y L, Yao B C, Liu C Y, et al. Genetic diversity analysis by simple sequence repeats of soybean (*Glycine max*) varieties from Heilongjiang[J]. Chinese Bulletin Botany, 2009, 44: 556-561.)
- [2] Li G, Quiros C F. Sequence-related amplified polymorphism (SRAP), a new marker system based on a simple PCR reaction; its application to mapping and gene tagging in *Brassica* [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2001, 103: 455-461.
- [3] 姜树坤,马慧,刘君,等. 利用SRAP标记分析玉米遗传多样性[J]. 分子植物育种,2007,5(3):412-416. (Jiang S K, Ma H, Liu J, et al. Genetic diversity in maize inbred lines revealed by SRAPs marker[J]. Molecular Plant Breeding, 2007, 5(3): 412-416.)
- [4] 张安世,徐九文,辛长永,等. 河南省水稻中晚粳新品系遗传多样性的SRAP分析[J]. 中国农学通报,2010,26(2):50-54. (Zhang A S, Xu J W, Xin C Y, et al. Analysis of genetic diversity of new middle-late lines of *Japanica* rice in Henan province by SRAP[J]. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2010, 26(2): 50-54.)
- [5] 王茂芊,白晨. 华北地区甜菜品系遗传多样性的SRAP分析[J]. 内蒙古农业科技,2010(2):29-32. (Wang M Q, Bai C. SRAP marker of sugar beet in North China[J]. Inner Mongolia Agricultural Science & Technology, 2010(2): 29-32.)
- [6] 李博,王茂芊,王华忠. SRAP对东北区骨干甜菜单胚品系的遗传多样性分析[J]. 中国糖料,2012(2):11-14. (Li B, Wang M

- Q, Wang H Z. Genetic diversity analysis of sugarbeet monogerm genotypes in the northeast region by SRAP molecule marker[J]. Sugar Crops of China, 2012(2): 11-14.)
- [7] Budak H, Shearman R C, Parmaksiz I, et al. Molecular characterization of buffalograss germplasm using sequence-related amplified polymorphism markers [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2004, 108: 328-334.
- [8] 白坚, 胡旭, 周淑婷, 等. 47 个建兰品种的 SRAP 遗传多样性分析[J]. 植物遗传资源学报, 2012, 13(3): 376-380. (Bai J, Hu X, Zhou S T, et al. Genetic diversity of 47 *Cymbidium ensifolium* varieties assessed by SRAP markers [J]. Journal of Plant Genetic Resources, 2012, 13(3): 376-380.)
- [9] 彭邵峰, 张党权, 陈永忠, 等. 14 个油茶良种遗传多样性的 SRAP 分析[J]. 中南林业科技大学学报, 2011, 31(1): 80-85. (Peng S F, Zhang D Q, Chen Y Z, et al. Genetic diversity analysis of elite cultivars of *Camellia oleifera* by SRAP [J]. Journal of Central South University of Forestry & Technology, 2011, 31(1): 80-85.)
- [10] 陈罡, 邢兆凯, 潘文利, 等. 辽宁地区主栽杨树品种的 SRAP 标记遗传多样性分析[J]. 东北林业大学学报, 2010, 38(10): 19-22. (Chen G, Xing Z K, Pan W L, et al. Genetic diversities of *Populus* in Liaoning area by using SRAP markers [J]. Journal of North-east Forestry University, 2010, 38(10): 19-22.)
- [11] Youssef M, James A C, Rivera-Madrid R, et al. Musa genetic diversity revealed by SRAP and AFLP [J]. Molecular Biotechnology, 2011, 47(3): 189-99.
- [12] 任良真, 张春宝, 赵洪锐, 等. 一种改良的快速高质大豆基因组 DNA 提取方法[J]. 中国农学通报, 2012, 28(9): 38-41. (Ren L Z, Zhang C B, Zhao H K, et al. An improved method to rapid and high-quality of genomic DNA extraction from soybean [J]. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2012, 28(9): 38-41.)
- [13] 周春娥, 王芳, 周延清, 等. 大豆遗传多样性的 SRAP 分析[J]. 江苏农业科学, 2012, 40(1): 40-42. (Zhou C E, Wang F, Zhou Y Q, et al. Genetic diversity analysis of soybean by SRAP markers [J]. Jiangsu Agricultural Sciences, 2012, 40(1): 40-42.)
- [14] Baloch F S, Kurt C, Arioglu H, et al. Assaying of diversity among soybean (*Glycin max* L. Merr.) and peanut (*Arachis hypogaea* L.) genotypes at DNA level [J]. Turkish Journal of Agriculture and Forestry, 2010, 34: 285-301.
- [15] 付亚书. 绥农大豆品种系谱分析及主要性状比较研究[D]. 北京: 中国农业科学院, 2006. (Fu Y S. Analysis of pedigree and comparative of major traits for Suinong soybean cultivar [D]. Beijing: Chinese Academy of Agricultural Sciences, 2006.)

(上接第 16 页)

参考文献

- [1] 王金陵, 武镛祥, 吴和礼, 等. 中国南北地区大豆光照生态类型分析[J]. 农业学报, 1956, 7(2): 169-180. (Wang J L, Wu Y X, Wu H L, et al. Analysis on photoperiod ecotypes of cultivated soybean s from different latitude regions of China [J]. Acta Agriculturae Sinica, 1956, 7(2): 169-180.)
- [2] 任全兴, 盖钧镒, 马育华. 我国大豆品种生育期生态特性研究 [J]. 中国农业科学, 1987, 20(5): 23-28. (Ren Q X, Gai J Y, Ma Y H. A study on the ecological properties of the growth periods of the Chinese soybean varieties [J]. Scientia Agricultura Sinica, 1987, 20(5): 23-28.)
- [3] 王国勋, 罗学华, 李友华. 论我国南北大豆生育期生态类型及在引种工作中的应用 [J]. 大豆科学, 1982, 1(1): 33-40. (Wang G X, Luo X H, Li Y H. Discussion about the ecological type of duration and its uses in introduction of soybean in China [J]. Soybean Science, 1982, 1(1): 33-40.)
- [4] 卜慕华, 潘铁夫. 中国大豆栽培区域探讨[J]. 大豆科学, 1982, 1(2): 105-121. (Bu M H, Pan T F. A study on the regionalization of soybean producing area in China [J]. Soybean Science, 1982, 1(2): 105-121.)
- [5] 郝耕, 陈杏娟, 卜慕华. 中国大豆品种生育期组的划分[J]. 作物学报, 1992, 18(4): 275-281. (Hao G, Chen X J, Bu M H. Classification of the Chinese soybean cultivars into maturity group [J]. Acta Agronomica Sinica, 1992, 18(4): 275-281.)
- [6] Hartwig E E. Growth and reproduction characteristics of soybean grown under short-day conditions [J]. Crop Science, 1970, 12: 47-53.
- [7] 盖钧镒, 汪越胜, 张孟臣, 等. 中国大豆品种熟期组划分的研究 [J]. 作物学报, 2001, 27(3): 286-292. (Gai J Y, Wang Y S, Zhang M C, et al. Studies on the classification of maturity groups of soybeans in China [J]. Acta Agronomica Sinica, 2001, 27(3): 286-292.)
- [8] Fehr W R, Caviness C E. Stages of soybean development, Special report (Iowa Agriculture and Home Economics Experiment Station) [M]. Iowa: Iowa State University of Science and Technology, 1977: 80.)
- [9] 汪越胜, 盖钧镒. 黄淮海春夏豆区大豆熟期组归属及地理分布概貌[J]. 北华大学学报(自然科学版), 2001, 2(2): 154-157. (Wang Y S, Gai J Y. Classification and geographical distribution of the maturity groups of Huang-Huai-Hai soybean cultivating region in China [J]. Journal of Beihua University (Natural Science Edition), 2001, 2(2): 154-157.)
- [10] 王传之. 阜阳主要大豆品种生育期组划分初探[J]. 大豆科技, 2012(1): 18-20. (Wang C Z. The preliminary study of maturity group division about the main cultivars of soybean in Fuyang [J]. Soybean Science & Technology, 2012(1): 18-20.)
- [11] 林艺. 浅谈宿州主要大豆品种生育期组划分[J]. 安徽农学通报, 2013, 19(3): 56-57. (Lin Y. Discussed shallowly the main soybean variety period of duration group divides in Suzhou city [J]. Anhui Agricultural Science Bulletin, 2013, 19(3): 56-57.)