



基于 SSR 标记的山西野生大豆种质资源遗传多样性分析

张海平, 陈妍, 王志, 王海岗, 周建萍

(山西省农业科学院 农作物品种资源研究所/农业部黄土高原作物基因资源与种质创制重点实验室/杂粮种质资源发掘与遗传改良山西省重点实验室, 山西 太原 030031)

摘要: 分析山西野生大豆资源的遗传多样性和遗传结构有助于了解山西野生大豆起源与进化, 为野生大豆优异种质挖掘及资源高效利用等提供理论基础。本研究采用 52 对 SSR 分子标记对来自于山西省 9 个地区 32 个县市的 70 份野生大豆资源进行了遗传多样性分析。结果表明: 共扩增出 450 个等位基因, 平均每对引物扩增出 8.7 个等位基因, 变幅为 3~19。等位基因频率为 0.185 7~0.885 7, 平均 0.421 0; 基因遗传多样性指数为 0.210 2~0.871 8, 平均 0.710 0; 多态性信息含量为 0.201 9~0.858 4, 平均 0.679 7。将所有供试材料按地理来源分类, 并进行遗传多样性分析。结果表明, 中部野生大豆资源的平均等位基因数、平均基因多样性指数和平均多态信息含量最高, 北部次之, 南部最低。而各组的平均主要等位基因频率结果与之相反。基于遗传结构和基于遗传距离的聚类分析都可将试验材料分为 3 个类群, 两种分类结果基本相同。第一类群主要包括山西中部部分资源, 第二类群主要包括山西中部部分资源和山西北部资源, 第三类群主要包括山西南部资源。聚类结果与地理来源较为一致。山西野生大豆资源遗传多样性较高。中部野生大豆资源的遗传多样性最高, 北部资源次之, 南部资源最低。推测山西中部和北部曾经发生过种质交流, 导致中部资源遗传多样性最高, 该区域可能为山西野生大豆的遗传多样性中心。

关键词: 山西; 野生大豆; 遗传多样性; 遗传结构; 聚类分析

Genetic Diversity Analysis of Wild Soybean (*Glycine soja*) in Shanxi Province Based on SSR Analysis

ZHANG Hai-ping, CHEN Yan, WANG Zhi, WANG Hai-gang, ZHOU Jian-ping

(Institute of Crop Germplasm Resources, Shanxi Academy of Agricultural Sciences/Key Laboratory of Crop Gene Resources and Germplasm Enhancement on Loess Plateau, Ministry of Agriculture/Shanxi Key Laboratory of Genetic Resources and Genetic Improvement, Taiyuan 030031, China)

Abstract: Understanding of the genetic diversity of wild soybean resources from Shanxi province is a basis research on its origin and evolution, it will provide a theoretical basis for the exploitation of excellent germplasm and the efficient utilization of wild soybean resources. In this study, genetic diversity of wild soybean resources from 32 counties belong to 9 regions in Shanxi province was analyzed using 52 simple sequence repeat (SSR) markers. A total of 450 alleles were detected with 8.7 alleles per locus ranging from 3 to 19. The major allele frequency ranged 0.185 7–0.885 7 with the mean value of 0.421 0. The gene diversity index ranged 0.210 2–0.871 8 with the mean value of 0.710 0. The polymorphism information content ranged 0.201 9–0.858 4 with the mean value of 0.679 7. According to geographical distribution, all materials were divided into three groups-North, Middle and South. Genetic diversity of every group was evaluated. The allele number, the average gene diversity index and the average polymorphism information content of the middle resources were the highest, the north resources followed, the south resources the lowest. The results of average major allele frequency of three groups were contrary to the results of the allele number. Experimental materials were divided into three groups based on genetic structure and genetic distance respectively. Results of two division methods were similarity. Group I was composed of part of middle resources, group II was composed of another part of middle resources and northern resources, group III was composed of southern resources. It was found that cluster results were approximately consistent with the geographical distribution of the wild soybean. Wild soybean resources in Shanxi province had rich variation. Middle resources had the highest gene diversity, northern resource the next highest and southern resources the lowest. Therefore, it is speculated that introduction and domestication is occurred between the North and the Middle of Shanxi. The middle region is the center of genetic diversity of wild soybean in Shanxi province.

Keywords: Shanxi; Wild soybean; Gene diversity; Genetic structure; Cluster analysis

野生大豆 (*Glycine soja*) 是栽培大豆 (*Glycine max*) 的近缘野生种, 具有多花多荚、多分枝、蛋白含量高、抗病虫害、耐逆、广适和繁殖系数高等优

点^[1-2], 是拓宽大豆基因资源, 选育大豆新品种, 促进大豆生产可持续发展的重要遗传物质。我国野生大豆资源类型丰富、遗传多样性高。

收稿日期: 2018-09-20

基金项目: 山西省农业科学院博士基金 (YBSJ0908); 农业部作物种质资源保护子项目 (2018NWB036-12); “十三五”国家重点研发计划 (2016YFD0100201); 山西省省攻关项目 (201703D221004-2)。

第一作者简介: 张海平 (1978-), 女, 博士, 副研究员, 主要从事大豆种质资源研究。E-mail: nkyzhp@126.com。

通讯作者: 周建萍 (1960-), 女, 学士, 研究员, 主要从事农作物种质资源研究。E-mail: xrk763@163.com。

前人对野生大豆的主茎明显程度、叶形、茸毛色、花色、花絮长短、粒色、脐色、泥膜、株高、生育期、单株荚数、单株粒数、单株粒重、百粒重等农艺性状和蛋白、脂肪含量等品质性状及抗逆性进行了深入细致的研究^[3-9],指出我国野生大豆遗传多样性较高,且南方野生大豆遗传多样性最高,黄淮海次之,东北最低^[10],并提出中国野生大豆形成了不均衡的3个遗传多样性中心等结论^[11]。

SSR 标记不易受环境影响,且多态性好,已成为研究野生大豆遗传多样性的主要手段。Li 等^[12]利用 SSR 和 SNP 标记对 303 份野生大豆和栽培大豆进行了遗传多样性分析,结果表明,中国野生大豆的遗传多样性高于日本、朝鲜和俄罗斯。赵洪锬等^[13]对来自于不同纬度的 22 份野生大豆和栽培大豆进行遗传多样性比较,结果表明野生大豆比栽培大豆遗传多样性高。丁艳来等^[14]对中国 196 份野生大豆的 SSR 标记分析表明,南方野生大豆群体的遗传多样性最高,黄淮海群体最低,东北群体居中。文自翔等^[15]研究表明,在南方野生群体中的长江中下游野生祖先可能是栽培大豆共同的野生祖先。程春明等^[16]通过对江西不同纬度及海拔地区野生大豆进行了分析,认为江西野生大豆有较为丰富的遗传多样性,且高纬度及低海拔地区野生大豆遗传多样性高于低纬度和高海拔地区材料。李为民等^[17]对陕西省野生大豆的研究表明陕西省野生大豆遗传多样性高于栽培大豆。且推测陕西中部南部为陕西省野生大豆的遗传多样性中心。魏苗

等^[18]对东北三省野生大豆进行了遗传多样性研究,N 41°~43°,E124°~126°区的的辽河平原为东北野生大豆的初生遗传多样性中心;N39°~41°,E120°~122°区的的辽东丘陵区可能为东北野生大豆的次生遗传多样性中心。王果等^[19]利用 30 对 SSR 引物对 49 份太原野生大豆进行了多样性分析,引物等位变异平均为 7 个,遗传多样性指数为 1.503,说明太原野生大豆材料变异类型丰富,多样性程度高。

山西省位于太行山以西、黄河以东、黄土高原丘陵地区,属于温带大陆性气候。境内南北狭长、海拔差异大、东高西低、地形地貌复杂、气候差异较大、气候生态类型多样,具有类型丰富的野生大豆资源^[20]。了解其野生大豆资源的遗传多样性和遗传结构,对保护和利用山西省野生大豆资源具有重大意义。利用分子标记对山西省野生大豆遗传多样性的研究鲜有,本研究利用 SSR 标记技术对山西野生大豆资源进行了遗传多样性分析,旨在了解山西野生大豆资源的遗传多样性情况,为充分发掘和利用野生大豆资源提供理论基础。

1 材料与方法

1.1 材料

供试的 70 份野生大豆材料由山西省种质库提供(表 1),来自山西省 9 个地区 32 个县市。根据种质库野生大豆信息和可获得情况,从每个县市抽取一定数量的材料,已经过多代自交种植。取每个材料幼嫩叶片,液氮冷冻后在-80℃冰箱中保存。

表 1 实验材料在山西省的分布

Table 1 Distribution of materials in Shanxi

序号 Code	国家统一编号 National code	来源 Origin	所属地区 Region	序号 Code	国家统一编号 National code	来源 Origin	所属地区 Region
1	ZYD2806	右玉 Youyu	大同 Datong	14	ZYD2895	定襄 Dingxiang	
2	ZYD2812	右玉 Youyu	(北部)(North)	15	ZYD2896	定襄 Dingxiang	
3	ZYD2814	右玉 Youyu		16	ZYD2909	临县 Linxian	吕梁 Lyuliang
4	ZYD2821	右玉 Youyu		17	ZYD2912	临县 Linxian	(中部)(Middle)
5	ZYD2842	右玉 Youyu		18	ZYD2928	临县 Linxian	
6	ZYD2846	左云 Zuoyun		19	ZYD2930	临县 Linxian	
7	ZYD2856	河曲 Hequ	忻州 Xinzhou	20	ZYD2934	临县 Linxian	
8	ZYD2863	偏关 Pianguan	(北部)(North)	21	ZYD2944	交城 Jiaocheng	
9	ZYD2865	偏关 Pianguan		22	ZYD2950	文水 Wenshui	
10	ZYD2870	静乐 Jingle		23	ZYD2961	文水 Wenshui	
11	ZYD2877	宁武 Ningwu		24	ZYD2964	柳林 Liulin	
12	ZYD2883	五台 Wutai		25	ZYD2975	柳林 Liulin	
13	ZYD2889	五台 Wutai		26	ZYD2980	柳林 Liulin	

续表 1

序号	国家统一编号	来源	所属地区	序号	国家统一编号	来源	所属地区
Code	National code	Origin	Region	Code	National code	Origin	Region
27	ZYD2987	柳林 Liulin		50	ZYD3107	沁源 Qinyuan	
28	ZYD2988	石楼 Shilou		51	ZYD3125	阳城 Yangcheng	晋城 Jincheng
29	ZYD2990	石楼 Shilou					中部(Middle)
30	ZYD2997	太原 Taiyuan	太原 Taiyuan	52	ZYD3128	稷山 Jishan	运城 Yuncheng
31	ZYD3000	太原 Taiyua	(中部)(Middle)	53	ZYD3129	稷山 Jishan	(南部)(South)
32	ZYD3012	太原 Taiyua		54	ZYD3137	永济 Yongji	
33	ZYD3014	太原 Taiyua		55	ZYD3138	永济 Yongji	
34	ZYD3016	太原 Taiyua		56	ZYD3142	永济 Yongji	
35	ZYD3023	榆次 Yuci	晋中 Jinzhong	57	ZYD3146	河津 Hejin	
36	ZYD3025	榆次 Yuci	(中部)(Middle)	58	ZYD3147	河津 Hejin	
37	ZYD3053	和顺 Heshun		59	ZYD3158	河津 Hejin	
38	ZYD3058	介休 Jiexiu		60	ZYD3162	芮城 Ruicheng	
39	ZYD3070	介休 Jiexiu		61	ZYD3167	芮城 Ruicheng	
40	ZYD3073	介休 Jiexiu		62	ZYD3170	芮城 Ruicheng	
41	ZYD3081	介休 Jiexiu		63	ZYD3172	芮城 Ruicheng	
42	ZYD3087	沁县 Qinxian	长治 Changzhi	64	ZYD3176	万荣 Wanrong	
43	ZYD3089	沁县 Qinxian	(中部)(Middle)	65	ZYD3179	新绛 Xinjiang	
44	ZYD3092	沁县 Qinxian		66	ZYD3180	新绛 Xinjiang	
45	ZYD3095	长治 Changzhi		67	ZYD3189	垣曲 Yuanqu	
46	ZYD3097	长治 Changzhi		68	ZYD3208	临汾 Linfen	临汾 Linfen
47	ZYD3098	武乡 Wuxiang		69	ZYD3213	翼城 Yicheng	南部(South)
48	ZYD3102	武乡 Wuxiang		70	ZYD3220	汾西 Fenxi	
49	ZYD3103	沁源 Qinyuan					

1.2 方法

1.2.1 基因组 DNA 提取 大豆叶片基因组 DNA 提取采用 CTAB 法^[21]。采用紫外分光光度计(Eppendorf BioPhotometer plus)检测 DNA 质量及浓度,用 TE 稀释到 50 ng·μL⁻¹,放于-80℃备用。

1.2.2 引物 根据公布的 SSR 标记信息(<http://www.soybase.org/>),在每个连锁群上选择 15 对标记,共 300 对标记,在上海生工生物工程技术服务有限公司合成。将 70 个材料的 DNA 混为 7 个 DNA 池,扩增、筛选有多态性的引物。

1.2.3 PCR 反应及银染 采用 10 μL 反应体系,其中:1 μL 10×PCR Buffer (20 mmol·L⁻¹ Mg²⁺),1 μL 1 mmol·L⁻¹正、反 SSR 引物,0.2 μL 25 mmol·L⁻¹ dNTPs,1 U *Taq* DNA 酶,1 μL 模板 DNA,ddH₂O 补足。反应程序:94℃预变性 5 min;94℃变性 30 s,55℃退火 45 s,72℃延伸 45 s,循环 35 次;72℃延伸 10 min。PCR 产物用 8% 变性聚丙烯酰胺凝胶电泳分离,银染法检测,银染后的凝胶扫描保存。

1.2.4 数据统计及分析 统计条带,采用 Power-

marker 3.25 软件^[22]计算引物的等位基因数(A)、主要等位基因频率(M)、基因多样性指数(He)和多态性信息含量指数(PIC),并计算遗传距离,将 bootstraps replications 设为1 000,置信区间为 0.01,采用共享等位基因距离方法构建聚类图。

采用软件 Structure2.3.1 分析群体的遗传结构^[23]。length of burnin peroid 设为100 000,Number of MCMC Reps after burnin 为100 000,K 设置为 2~10,重复运行 10 次,根据运行结果,进行数据整理。根据不同 K 值时的 LnP(D)lnPr(X|K)]变化曲线,确定适宜的类群数,当无法判定时,采用不同 K 值对应的 ΔK 的变化来确定,根据 L'(K) = L(K) - L(K - 1),L''(K) = L'(K + 1) - L'(K),ΔK = m(|L''(K)|)/s[L(K)],m 为平均数,s 为方差,作折线图,此时拐点所对应的 K 值即为类群数目。

2 结果与分析

2.1 SSR 标记的遗传多样性分析

从 300 对引物中筛选到有多态性的引物 52 对

(表2)。利用52对引物对70份野生大豆共扩增出450条等位基因,平均每对引物扩增出8.7个等位基因,等位基因的变异范围为3~19。最少为3个,引物是Satt168和Satt299,最多的为17个,引物为Satt530,其余大部分为9个左右。52对引物的主要

等位基因频率相差较大,引物Satt382的主要等位基因频率最小,为0.1857,引物Satt532的主要等位基因频率最大,为0.8857,其它引物的主要等位基因频率在0.4左右,平均为0.4210。

表2 52个SSR位点的多态性信息
Table 2 Polymorphic information of 52 SSR loci

引物 Marker	连锁群 Linkage group	等位基因数 No. of allele	主要等位基因频率 Major allele frequency	基因多样性指数 Gene diversity index	多态信息含量 Polymorphism information
satt593	A1	10	0.3857	0.7576	0.7264
satt165	A1	12	0.3857	0.7633	0.7339
satt382	A1	13	0.2143	0.8718	0.8584
satt271	A1	5	0.3857	0.6804	0.6203
Sat-271	A1	9	0.2857	0.8351	0.8161
satt511	A1	17	0.2537	0.8683	0.8566
satt421	A2	11	0.5000	0.6604	0.6143
satt437	A2	11	0.4429	0.7551	0.7343
satt187	A2	8	0.5857	0.5824	0.5302
satt207	A2	9	0.5429	0.6616	0.6346
satt359	B1	9	0.2286	0.8580	0.8421
satt168	B2	7	0.7714	0.3792	0.3485
Satt066	B2	6	0.4429	0.7102	0.6684
satt670	C1	7	0.4000	0.729	0.6881
satt195	C1	11	0.2429	0.8192	0.7948
satt396	C1	4	0.6857	0.4616	0.3973
satt289	C2	11	0.5429	0.6554	0.6248
satt307	C2	12	0.2429	0.8273	0.8059
satt281	C2	15	0.3000	0.8269	0.8081
satt468	D1a	6	0.3143	0.7641	0.7250
satt532	D1a	4	0.8857	0.2102	0.2019
satt296	D1b	9	0.2857	0.8143	0.7901
satt413	D2	12	0.3286	0.8204	0.8014
satt615	D2	11	0.3134	0.8171	0.7958
satt720	E	12	0.3571	0.8057	0.7854
satt268	E	9	0.3429	0.8114	0.7910
satt230	E	7	0.3284	0.7850	0.7539
satt586	F	6	0.5429	0.6400	0.5993
satt586	F	8	0.403	0.7445	0.7084
sat-168	G	3	0.8507	0.2580	0.2315
satt610	G	6	0.4286	0.7114	0.6670
Satt199	G	10	0.4714	0.7261	0.7013
satt309	G	9	0.2571	0.8465	0.8291
satt130	G	9	0.3571	0.7490	0.7122

续表 2

引物 Marker	连锁群 Linkage group	等位基因数 No. of allele	主要等位基因频率 Major allele frequency	基因多样性指数 Gene diversity index	多态信息含量 Polymorphism information
satt442	H	11	0. 2429	0. 8539	0. 8381
satt293	H	8	0. 4000	0. 7551	0. 7238
satt614	I	7	0. 5857	0. 6033	0. 5648
Sat_299	I	3	0. 6567	0. 5043	0. 4474
satt285	J	4	0. 8143	0. 3212	0. 3003
satt414	J	10	0. 2143	0. 8461	0. 8274
satt370	J	11	0. 3286	0. 8139	0. 7928
satt260	K	7	0. 2714	0. 7894	0. 7577
satt349	K	8	0. 4000	0. 7420	0. 7059
satt196	K	6	0. 2571	0. 8016	0. 7720
satt273	K	7	0. 3571	0. 7576	0. 7204
satt381	K	9	0. 4429	0. 7343	0. 7036
sat-099	L	4	0. 7015	0. 4598	0. 4120
satt237	N	6	0. 4429	0. 7069	0. 6639
satt530	N	19	0. 1857	0. 8922	0. 8835
satt592	O	6	0. 6429	0. 5233	0. 4703
satt487	O	7	0. 3714	0. 7747	0. 7451
satt-307	O	9	0. 2687	0. 8358	0. 8165
Mean		8. 7	0. 4210	0. 7100	0. 6797

基因多样性指数和多态性信息含量是表示种群遗传多样性的指标。本研究结果表明,山西野生大豆的基因多样性指数和多态性信息含量差异较大。平均基因多样性指数为0.710 0,变异范围为0.210 2~0.892 2。平均多态性信息含量为0.679 7,变异范围为0.201 9~0.883 5。引物 Satt530 检测到的主要等位基因频率最低,为0.185 7,基因多样性指数和多态性信息含量最高,分别为0.892 2和0.883 5;引物 satt532 的主要等位基因频率最高,为0.885 7,基因多样性指数和多态性信息含量最低,分别为0.210 2和0.201 9。

2.2 不同地理来源的野生大豆遗传多样性分析

根据不同地理来源将 70 份野生大豆分为 3 组,第一组为山西北部资源,第二组为山西中部资源,第三组为山西南部资源。对这 3 组资源进行了遗传多样性分析比较(表 3)。可以看出中部野生大豆资源的平均等位基因数、平均基因多样性指数和平均多态信息含量最高,南部最低,北部次之。而各组的平均主要等位基因频率结果与之相反。说明山西中部野生大豆资源的遗传多样性最高,北部资源次之,南部资源最低。

表 3 不同地理来源的野生大豆遗传多样性分析
Table 3 Gene diversity of wild soybean in different geographical origins

资源 Resource	种质资源数 No. of resource	等位基因数 No. of allele	主要等位基因频率 Major allele frequency	基因多样性指数 Gene diversity index	多态信息含量 Polymorphism information
北部资源 Northern resource	15	5. 15	0. 4577	0. 6583	0. 6193
中部资源 Middle resource	36	6. 80	0. 4242	0. 6939	0. 6580
南部资源 Southern resource	19	4. 60	0. 5619	0. 5617	0. 5249

2.3 聚类分析

基于 Nei1972 遗传距离的聚类分析将 70 份大豆野生资源划分为 3 大类群(图 1)。第一类群主要包括山西中部部分资源包括 25 份资源,其中晋中 7 份、太原 4 份、长治 6 份、忻州 4 份、大同 1 份、晋城 1

份、临汾 1 份、吕梁 1 份;第二类群主要包括山西北部 and 山西中部部分资源,包括 28 份资源,其中吕梁 13 份、大同 5 份、忻州 5 份、临汾 2 份、长治、太原和运城各 1 份;第三类群主要包括山西南部资源,包括 17 份资源,其中运城 14 份、临汾 1 份、长治 2 份。

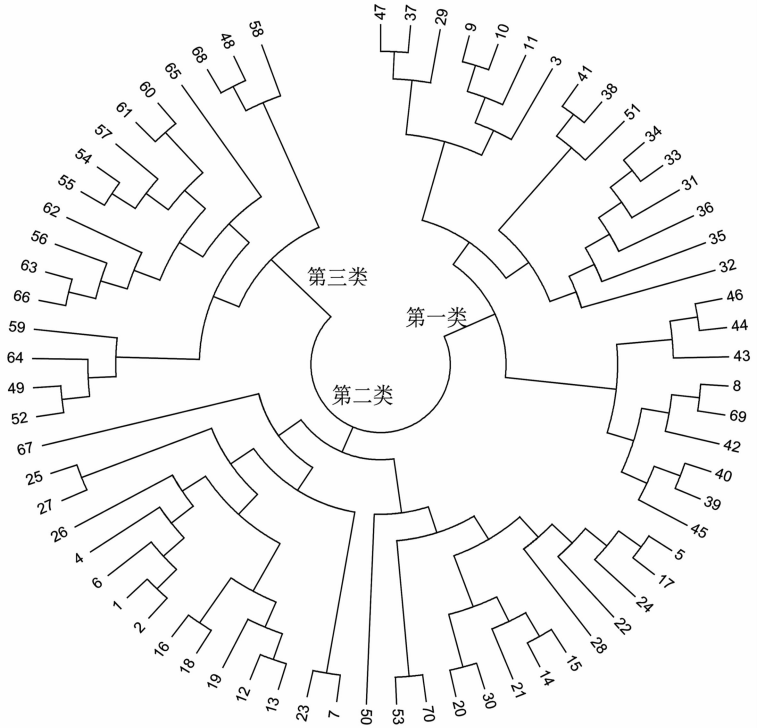


图 1 野生大豆种质资源聚类分析图

Fig. 1 Cluster diagram of wild soybean resource

2.4 遗传结构分析

应用软件 Structure 2.3.1 对野生大豆资源进行了基于模型的群体结构分析,发现 70 份资源的等位变异频率特征指数 $K = 3$ 时,出现拐点, ΔK 最大,且有单峰(图 2 和图 3)。由此,可将供试资源分为 3 个类群(图 4)。第一类群主要包括山西中部野生大

豆资源,共计 20 份,其中晋中 6 份、太原 5 份、吕梁 3 份、忻州 6 份。第二类群是山西南部资源,包括 10 份,其中运城 9 份、临汾 1 份;第三类群主要包括是山西北部 and 山西中部部分资源,共 40 份,其中吕梁 11 份、长治 9 份、运城 6 份、大同 5 份、忻州 4 份、临汾 3 份、晋城 1 份、晋中 1 份。

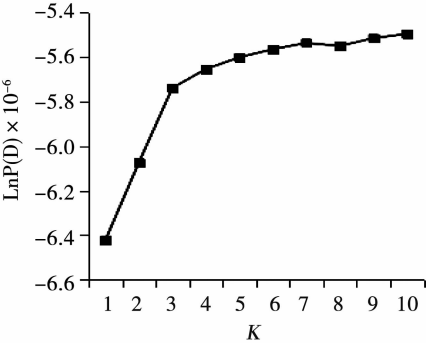


图 2 K 值与 LnP(D) 折线图

Fig. 2 Line graph of K value with LnP(D)

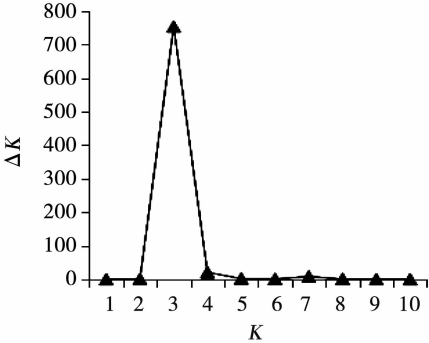


图 3 K 值与 ΔK 折线图

Fig. 3 Line graph of K with ΔK

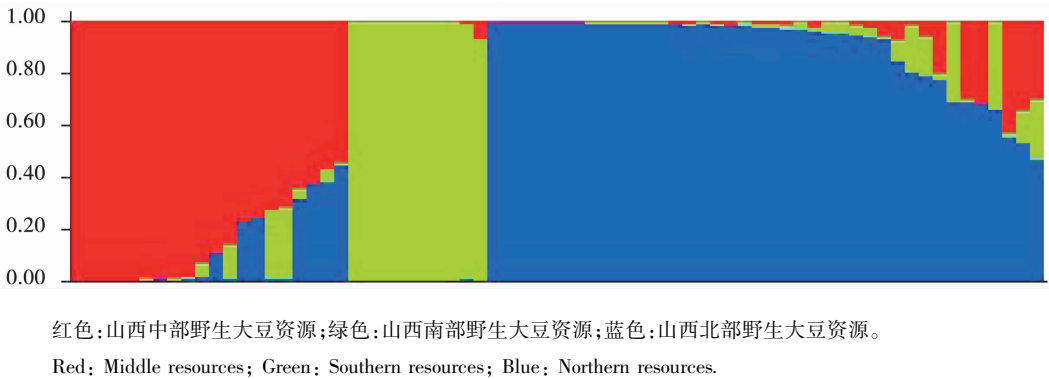


图 4 野生大豆资源群体遗传结构图

Fig. 4 Population genetic structure diagram of wild soybean

3 讨 论

3.1 山西野生大豆资源遗传多样性程度较高

遗传多样性指数(Shannon 指数)是用来衡量某一种群或地区种质资源遗传多样性指数的标准之一。前人用 SSR 标记方法分别对中国不同地域范围的野生大豆资源进行遗传多样性研究。丁艳来等^[14]对来自于全国的 196 份野生大豆进行了遗传多样性分析,结果表明,平均遗传多样性指数为 0.852。严茂粉等^[24]利用 40 对引物对北京地区 10 个野生大豆群体扩增出 526 个等位变异,平均等位变异位点为 13.15 个,平均多样性指数为 0.658。李为民等^[17]的研究表明,陕西省野生大豆的平均遗传多样性指数为 0.657。高慧^[25]的研究表明,天津野生大豆群体的平均遗传多样性指数为 0.701 0,山东材料的遗传多样性指数为 0.397 6。王果^[26]的研究表明河南野生大豆的遗传多样性指数为 0.719 6。本研究结果表明,山西野生大豆资源的遗传多样性指数为 0.710 0,低于全国平均水平,与相邻省份相比,遗传多样性程度高于北京、山东、陕西、天津,与河南野生大豆资源遗传多样性相近。王国勋等^[20]通过对山西野生大豆的考察,认为山西可能是我国大豆起源地之一,本研究结果表明山西野生大豆的遗传多样性高于邻省,佐证了山西省可能是大豆起源中心之一的观点。

3.2 种质资源的聚类与地理来源的关系

前人研究表明,种质资源聚类与地理来源较为一致。王克晶等^[27]对国家种质库 96 份野生大豆微核心样本进行了分析,认为我国野生大豆资源聚类与地理分布相一致,将我国野生大豆微核心资源聚类为南方、北方、长江流域、东北四大类。程春明等^[16]、魏苗等^[18]、吴禹等^[28]和钟文娟等^[29]的研究结果与王克晶等的观点基本一致,认为 SSR 聚类与地理来源之间存在较大相关性,分类结果基本上与野生大豆地理来源相一致,只有部分不同来源材料

聚到其他来源类群中。在栽培大豆及其它作物的聚类研究中也类似报道^[30]。本研究利用 52 对 SSR 标记对 70 份山西省野生大豆资源进行遗传多样性分析,基于遗传距离,采用非加权类平均聚类(UPGMA)法,可将材料聚为 3 类。基于遗传结构分析,也可将这 70 份野生大豆资源聚为 3 类。两种方法聚类结果基本相同。将南部资源和部分中部资源各聚为一类,将山西北部资源和部分中部资源聚为一类,表明野生大豆资源聚类与地理来源有很大的相关性,但又不完全相同,原因可能是山西北部资源与中部资源有过种质交流或相互引种,导致遗传距离较近,聚为一类。

3.3 山西省不同地区野生大豆遗传多样性差异

武静^[31]对山西省野生大豆遗传多样性研究表明,山西中部野生大豆遗传多样性最高,南部次之,北部最低。本研究结果表明山西中部野生大豆资源遗传多样性最高,北部次之,南部最低。本研究与武静的研究结果不尽相同,共同点是均认为中部资源遗传多样性最高,加之北部资源与部分中部资源聚在一类,这可能与山西地理特点有关,山西省地域狭长,共有 11 个地区,北部包括大同、忻州和朔州 3 个地区,南部包括临汾、运城两个地区,而中部包括 5 个地区,地域面积大于北部和南部,因此,中部野生大豆资源类型多于北部和南部。而且从聚类结果推测,中部和北部曾经发生过引种,中部资源可能有一部分资源来源于北部。因此,推测山西中部是山西野生大豆资源的遗传多样性中心。

4 结 论

本研究利用 52 对 SSR 分子标记对来自于山西省 9 个地区 32 个县市的 70 份野生大豆资源进行了遗传多样性分析,结果表明,山西野生大豆资源遗传变异丰富,遗传多样性程度较高,且中部资源遗传多样性高于北部和南部。UPGMA 聚类和基于模型的遗传结构分析均可将资源划分为 3 个类群,不

同地理来源的种质资源亲缘关系较近,聚类结果与地理来源相对一致。本研究结果为山西野生大豆资源遗传多样性保护及合理开发利用提供参考依据。

参考文献

[1] 李向华,王克晶,李福山,等. 野生大豆(*Glycine soja*)研究现状与建议[J]. 大豆科学, 2005, 24(4): 305-309. (Li X H, Wang K J, Li F S, et al. Research progress of wild soybean(*Glycine soja*) and suggestions for improving its effective utilization and protection[J]. Soybean Science, 2005, 24(4): 305-309.)

[2] 杨光宇,纪锋. 中国野生大豆资源的研究与利用综述 I 地理分布、化学品质性状及在育种中的利用[J]. 吉林农业科学, 1999, 24(1): 12-17. (Yang G Y, Ji F. Research and utilization progress on wild soybean in china I geographical distribution, chemical quality, and its application in breeding[J]. Journal of Jilin Agricultural Sciences, 1999, 24(1): 12-17.)

[3] 孙蕾,赵洪锟,赵芙,等. 东北野生大豆遗传多样性分析[J]. 大豆科学, 2015, 34(3): 356-360. (Sun L, Zhao H K, Zhao F, et al. Analysis of genetic diversity of *Glycine soja* in northeast China[J]. Soybean Science, 2015, 34(3): 356-360.)

[4] 徐豹,徐航,庄炳昌,等. 中国野生大豆(*G. soja*)脂肪含量的多样性及其地理分布[J]. 大豆科学, 1993, 12(4): 269-274. (Xu B, Xu H, Zhuang B C, et al. Polymorphism and geographical distribution of fat content of wild soybean (*G. soja*) in China [J]. Soybean Science, 1993, 12(4): 269-274.)

[5] 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. (Xu B, Xu H, Zhuang B C, et al. Polymorphism and geographical distribution of seed characters of wild soybean (*G. soja*) in China[J]. Acta Agronomic Sinica, 1995, 21(6): 733-739.)

[6] 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. (Zhuang B C, Xu H, Wang Y M, et al. Polymorphism and geographical distribution of the stem and leaf characters of wild soybean (*Glycine soja*) in China[J]. Acta Agronomic Sinica, 1996, 22(5): 583-586.)

[7] Dong Y S, Zhuang B C, Zhao L M, et al. The genetic diversity of annual wild soybeans grown in China[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2001, 103(1): 98-103.

[8] 李炜,肖佳雷,毕影东,等. 黑龙江省野生大豆资源农艺性状和品质性状的遗传多样性分析[J]. 大豆科学, 2015, 34(1): 9-14. (Li W, Xiao J L, Bi Y D, et al. Diversity of wild soybean resources based on agronomic and quality traits in Heilongjiang province[J]. Soybean Science, 2015, 34(1): 9-14.)

[9] 裴颜龙,王岚,葛颂,等. 野生大豆遗传多样性研究 I 4 个天然居群等位酶水平的分析[J]. 大豆科学, 1996, 15(4): 302-309. (Pei Y L, Wang L, Ge S, et al. Studies on genetic diversity of *Glycine soja* I isozyme variation in four populations[J]. Soybean Science, 1996, 15(4): 302-309.)

[10] 许东河,高忠,盖钧镒,等. 中国野生大豆与栽培大豆等位酶、RFLP 和 RAPD 标记的遗传多样性与演化趋势分析[J]. 中国农业科学, 1999, 32(6): 16-22. (Xu D H, Gao Z, Gai J Y, et al. Genetic diversity and evolutionary tendency detected by

isozyme, RFLP and RAPD markers in wild and cultivated soybeans in China [J]. Scientia Agricultura Sinica, 1999, 32(6): 16-22.)

[11] 董英山,庄炳昌,赵丽梅,等. 中国野生大豆遗传多样性中心[J]. 作物学报, 2000, 26(5): 224-230. (Dong Y S, Zhuang B C, Zhao L M, et al. The genetic diversity centers of annual wild soybean in China[J]. Acta Agronomica Sinica, 2000, 26(5): 224-230.)

[12] Li Y H, Li W, Zhang C, et al. Genetic diversity in domesticated soybean (*Glycine max*) and its wild progenitor (*Glycine soja*) for simple sequence repeat and single-nucleotide polymorphism loci [J]. New Phytologist, 2010, 188(1): 242-253.

[13] 赵洪锟,王玉民,李启云,等. 中国不同纬度野生大豆和栽培大豆 SSR 分析[J]. 大豆科学, 2001, 20(3): 172-176. (Zhao H K, Wang Y M, Li Q Y, et al. SSR analysis of wild soybean and cultivated soybean from different latitude in China[J]. Soybean Science, 2001, 20(3): 172-176.)

[14] 丁艳来,赵团结,盖钧镒. 中国野生大豆的遗传多样性和生态特异性分析[J]. 生物多样性, 2008, 16(2): 133-142. (Ding Y L, Zhao T J, Gai J Y. Genetic diversity and ecological differentiation of Chinese annual wild soybean[J]. Biodiversity Science, 2008, 16(2): 133-142.)

[15] 文自翔,赵团结,丁艳来,等. 中国栽培及野生大豆的遗传多样性、地理分化和演化关系研究[J]. 科学通报, 2009, 54: 3301-3310. (Wen Z X, Zhao T J, Ding Y L. Genetic diversity, geographic differentiation and evolutionary relationship among ecotypes of *Glycine max* and *G. soja* in China[J]. Chinese Science Bulletin, 2009, 54(21): 3301-3310.)

[16] 程春明,杨存义,马启彬,等. 江西野生大豆遗传多样性分析[J]. 植物遗传资源学报, 2011, 12(6): 928-933. (Cheng C M, Yang C Y, Ma Q B, et al. Genetic diversity analysis of wild soybean resources in Jiangxi[J]. Journal of Plant Genetic Resources, 2011, 12(6): 928-933.)

[17] 李为民,王宇超,黎斌,等. 陕西省野生大豆种质资源的 SSR 遗传多样性研究[J]. 中国农学通报, 2015, 31(24): 99-105. (Li W M, Wang Y C, Li B, et al. Analysis of genetic diversity of *Glycine soja* germplasm resources in Shanxi province[J]. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2015, 31(24): 99-105.)

[18] 魏苗,李建东,燕雪飞,等. 中国东北野生大豆 SSR 遗传多样性及亲缘关系分析[J]. 大豆科学, 2011, 30(3): 388-396. (Wei M, Li J D, Yan X F, et al. Analysis of genetic diversity and relationship of *Glycine soja* in northeast China[J]. Soybean Science, 2011, 30(3): 388-396.)

[19] 王果,胡正,张保缺,等. 山西省野生大豆资源遗传多样性分析[J]. 中国农业科学, 2008, 41(7): 2182-2190. (Wang G, Hu Z, Zhang B Q, et al. Genetic diversity analysis of Shanxi's wild soybean (*Glycine soja*) [J]. Scientia Agricultura Sinica, 2008, 41(7): 2182-2190.)

[20] 王国勋,常汝镇,李莹,等. 山西省野生大豆资源考察报告[J]. 中国油料作物学报, 1980, 2(3): 41-47. (Wang G X, Chang R Z, Li Y, et al. The investigation of wild soybean germplasm in Shanxi[J]. Chinese Journal of Oil Crop Science, 1980, 2(3): 41-47.)

[21] Doyle J J. Isolation of plant DNA from fresh tissue[J]. Focus, 1990, 12: 13-15.

[22] Chun F W, Guan Q J, Hui Z, et al. Genetic diversity and popula-

tion structure of chinese foxtail millet [*Setaria italica*(L) beauv.] landraces [J]. Genes Genomes Genetics, 2012, 22 (2): 769-777.

[23] Evanno G, Regnaut S, Goudet J. Detecting the number of clusters of individuals using the software structure: A simulation study[J]. Molecular Ecology, 2005, 14(8): 2611-2620.

[24] 严茂粉,李向华,王克晶.北京地区野生大豆种群 SSR 标记的遗传多样性评价[J].植物生态学报,2008,32(4):938-950. (Yan M F, Li X H, Wang K J. Evaluation of genetic diversity by SSR markers for natural population of wild soybean (*Glycine soja*) growing in the region of Beijing, China[J]. Journal of Plant Ecology, 2008, 32(4): 938-950.)

[25] 高慧.北方沿海滩涂野生大豆资源的收集及其遗传多样性的 SSR 分析[D]. 呼和浩特:内蒙古农业大学,2008:23-24. (Gao H. Genetic diversity of newly collected wild soybean in coastal Land in north of china revealed by SSR markers[D]. Hohhot: Inner Mongolia Agricultural University, 2008: 23-24.)

[26] 王果.河南省野生大豆资源遗传多样性分析[D]. 杨凌:西北农林科技大学,2006:25-27. (Wang G. The genetic diversity of annual wild soybean in Henan province [D]. Yangling: Northwest Agricultural and Forest University, 2006: 25-27.)

[27] 王克晶,李向华.中国野生大豆遗传资源搜集基本策略与方法[J]. 植物遗传资源学报,2012,13(3):325-334. (Wang K J, Li X H. Fundamental strategies and methods for collection of wild soybean germplasm resources in China[J]. Journal of Plant Genetic Resources, 2012, 13(3): 325-334.)

[28] 吴禹,沈军,陈爱国,等.辽宁省野生大豆资源遗传多样性的比较分析[J]. 大豆科学,2012,31(3):368-373. (Wu Y, Shen J, Chen A G, et al. Genetic similarity for wild soybeans from different geographical origins in Liaoning province[J]. Soybean Science, 2012, 31(3): 368-373.)

[29] 钟文娟,袁灿,周永航,等.基于 SSR 标记的四川大豆与引进大豆资源遗传多样性和群体结构分析[J]. 大豆科学,2017,36(5):657-668. (Zhong W J, Yuan C, Zhou Y H, et al. Genetic diversity and population structure analysis of Sichuan territory Soybean (*Glycine max*) and introduced resources by SSR markers [J]. Soybean Science, 2017, 36(5): 657-668.)

[30] 董俊丽,王海岗,陈凌,等.糜子骨干种质遗传多样性和遗传结构分析[J]. 中国农业科学,2015,48(6):3121-3131. (Dong J L, Wang H G, Chen L, et al. Analysis of genetic diversity and structure of proso millet core germplasm[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2015, 48(6): 3121-3131.)

[31] 武静.山西野生大豆地理分布的遗传分化[D]. 晋中:山西农业大学,2013:27-29. (Wu J. Genetic differentiation of geographical distribution wild soybean in Shanxi province [D]. Jinzhong: Shanxi Agricultural University, 2013: 27-29.)

(上接第 188 页)

[5] 陈文杰,梁江,钟开珍,等.大豆抗花叶病毒材料初步筛选及评价[J].大豆科学,2012,31(4):617-620. (Chen W J, Liang J, Zhong K Z, et al. Preliminary selection and evaluation for *Glycine max* resistant to soybean mosaic virus[J]. Soybean Science, 2012, 31(4): 617-620.)

[6] 智海剑.大豆对大豆花叶病毒抗侵染和抗扩展特性的鉴定、遗传和利用研究[D]. 南京:南京农业大学,2005:5-12. (Zhi H J. Evaluation, inheritance and utilization of resistance in infection and resistance in development to soybean mosaic virus[D]. Nanjing: Nanjing Agricultural University, 2005: 5-12.)

[7] 李凯.中国南方大豆花叶病毒株系的鉴定_抗性遗传和抗性基因的定位[D]. 南京:南京农业大学,2009:31-58. (Li K. Strain identification of soybean mosaic virus and inheritance and gene mapping of its resistance in soybeans in southern china[D]. Nanjing: Nanjing Agricultural University, 2009: 31-58.)

[8] 马莹.大豆对大豆花叶病毒抗病基因的遗传分析、精细定位和标记辅助选择研究[D]. 南京:南京农业大学,2010. (Ma Y. Inheritance, fine mapping and marker assisted selection of resistance genes to soybean mosaic virus in soybeans[D]. Nanjing: Nanjing Agricultural University, 2010.)

[9] 李凯,刘志涛,李海朝,等.国家大豆区域试验品种对 SMV 和 SCN 的抗性分析[J]. 大豆科学,2013,32(5):670-675. (Li K, Liu Z T, Li H C, et al. Resistance to soybean mosaic virus and soybean cyst nematode of soybean cultivars from China national soybean uniform trials [J]. Soybean Science, 2013, 32(5): 670-675.)

[10] 杨清华,董德坤,郁晓敏,等.浙江省大豆花叶病毒(SMV)流行株系抗性种质的筛选及农艺性状调查[J].浙江农业学报,2015,27(4):527-531. (Yang Q H, Dong D K, Yu X M, et al. Screening and agronomic character investigation of resistant germplasms to the popular strains of soybean mosaic virus (SMV) in Zhejiang province[J]. Acta Agriculturae Zhejiangensis, 2015, 27(4): 527-531.)

[11] 李凯,任锐,王涛,等.大豆对大豆花叶病毒 SC18 株系的抗性遗传和基因定位[J]. 大豆科学,2017,36(2):187-191. (Li K, Ren R, Wang T, et al. Genetic analysis and mapping of soybean mosaic virus resistance genes to SC18 in soybean[J]. Soybean Science, 2017, 36(2): 187-191.)

[12] 阳小凤,杨永庆,郑桂杰,等.大豆对大豆花叶病毒株系 SC6 和 SC17 抗病基因的精细定位[J]. 作物学报,2013,39(2):216-221. (Yang X F, Yang Y Q, Zhen G J, et al. Fine mapping of resistance genes to smv strains SC6 and SC17 in soybean[J]. Acta Agronomica Sinica, 2013, 39(2): 216-221.)

[13] 邱丽娟,常汝镇,刘章雄,等.大豆种质资源描述规范和数据标准[M]. 北京:中国农业出版社,2006:78-79. (Qiu L J, Chang R Z, Liu Z X, et al. Description specification and data standard of soybean germplasm resources[M]. Beijing: Agricultural Press, 2006: 78-79.)

[14] 智海剑,盖钧镒.大豆对大豆花叶病毒抗侵染与抗扩展育种应用的讨论[J]. 作物杂志,2005(3):4-6. (Zhi H J, Gai J Y. Evaluation, inheritance and utilization of resistance in infection and resistance in development to soybean mosaic virus[J]. Crops, 2005(3): 4-6.)

[15] 智海剑,盖钧镒,何小红.大豆对 SMV 抗侵染与抗扩展的遗传分析[J]. 作物学报,2005,31(10):1260-1264. (Zhi H J, Gai J Y, He X H. Inheritance of resistance in infection and resistance in development to soybean mosaic virus in soybeans[J]. Acta Agronomica Sinica, 2005, 31(10): 1260-1264.)