



川渝地区地方和育成大豆品种籽粒性状关联分析

杨红燕¹,何庆元²,张英虎¹,杨华伟³,向仕华³

(1. 江苏沿海地区农业科学研究所,江苏 盐城 224000; 2. 安徽科技学院 生命科学学院,安徽 凤阳 233100; 3. 自贡市农业科学研究院,四川 自贡 643000)

摘要:为挖掘川渝地区大豆品种籽粒蛋白质含量、油脂含量及百粒重与分子标记的关联位点,以 232 份川渝地区地方和育成材料构成的自然群体为试验材料,结合分布于大豆 20 条染色体的 135 个 SSR 分子标记检查所有材料的基因型,利用 TASSEL 3.0 软件中的混合线性模型对大豆籽粒蛋白质含量、油脂含量和百粒重进行关联分析。结果表明:在 $P < 0.05$ 显著水平且贡献率较高的情况下,2 个环境中共检测 49 个关联位点。与蛋白质含量显著关联的位点有 16 个,贡献率总和为 29.78%;与油脂含量相关的位点有 19 个,贡献率总和为 41.94%;与百粒重相关的位点有 14 个,贡献率总和为 13.92%。其中位点 Satt554 和 Satt229 与籽粒的蛋白质含量、油脂含量和百粒重性状同时存在关联。

关键词:大豆;蛋白质含量;油脂含量;百粒重;关联分析

Association Analysis of Seed Traits of Local and Bred Soybean Varieties in Sichuan and Chongqing

YANG Hong-yan¹, HE Qing-yuan², ZHANG Ying-hu¹, YANG Hua-wei³, XIANG Shi-hua³

(1. Jiangsu Coastal Areas Institute of Agricultural Sciences, Yancheng 224000, China; 2. Life Science College, Anhui Science and Technology University, Fengyang 233100, China; 3. Zigong Academy of Agricultural Sciences, Zigong 643000, China)

Abstract: In order to explore the association sites of soybean seed protein content, oil content, and 100-seed weight with SSR markers of local and bred soybean varieties in Sichuan and Chongqing region, 232 natural populations composed of local and bred materials in Sichuan and Chongqing were used as experimental materials, and 135 SSR molecular markers distributed on 20 chromosomes of soybean were combined to examine the genotypes of all materials. The mixed linear model in TASSEL3.0 software was used to analyze the correlation between soybean seed protein content, oil content and 100-seed weight. The results showed that a total of 49 association sites were detected in the two environments when $P < 0.05$ was significant and the contribution rate was high. There were 16 loci significantly associated with protein content, the total contribution rate was 29.78%, 19 loci related to oil content, the total contribution rate was 41.94%, and 14 loci related to 100-seed weight, the total contribution rate was 13.92%. The loci satt554 and satt229 were simultaneously associated with seed protein content, oil content and 100-seed weight.

Keywords: Soybean; Protein content; Oil content; 100-seed weight; Association analysis

大豆是我国植物蛋白和油脂的主要来源之一,但目前由于单产较低等原因国产大豆无法满足市场需求^[1-2]。培育高产、优质的大豆新品种是提升国产大豆竞争力的有效途径,农业农村部从 2019 年开始实施大豆振兴计划,2021 年我国将继续稳定大豆种植面积,提高大豆单产和品质,力争用于国内豆制品等食用大豆的自给自足。高蛋白、高油脂、大籽粒材料的创制是大豆突破育种的重要探索方向,同时改良大豆籽粒中的蛋白质含量、油脂含量和百粒重可以增加作物的经济价值^[3]。因此,研究大豆籽粒蛋白质含量、油脂含量和百粒重性状的遗传基础,对于大豆种质创制及新品种选育至关重要。虽然通过遗传改良方法,大豆籽粒蛋白质含量、油脂含量和百粒重获得了稳定的增益,但是控

制大豆籽粒性状的分子和生理机制尚不明晰。大豆籽粒的蛋白质、油脂含量和百粒重是受多基因、环境和基因型×环境互作影响复杂的数量性状,有许多未知基因直接或间接地参与其中^[4]。国内外学者对大豆籽粒蛋白质含量、油脂含量和百粒重性状做了大量的研究^[5-10]。迄今为止,SoyBase 公布了分别利用 47,35 和 35 个作图群体鉴定到的 245 个与蛋白质含量相关的 QTL,322 个与油脂含量相关的 QTL 和 297 个与百粒重相关的 QTL,分布于大豆 20 条染色体上(www.soybase.org)。前人利用关联分析的方法定位了很多关于大豆籽粒蛋白质含量、油脂含量和百粒重性状的位点^[11-12]。齐照明等^[13]选取中国东北地区大豆主栽品种及常用种质资源群体进行关联分析,定位到 12 个油脂含量相关的

收稿日期:2020-03-04

基金项目:四川省科技厅应用基础计划(2019YJ0679);四川省大豆绿色高效生产技术推广应用项目;四川省科技计划重点研发项目(2021YFYZ0018);四川豆类杂粮创新团队技术研究岗位项目(SCCXTD-2020-20);江苏省六大人才高峰项目(NY-174);沿海盐碱地农业科学观测实验站项目(YHS202001)。

第一作者:杨红燕(1983—),女,博士,助理研究员,主要从事大豆遗传育种研究。E-mail:yhy8373@163.com。

通讯作者:向仕华(1986—),男,硕士,高级农艺师,主要从事大豆遗传育种研究。E-mail:zgxiangshihua@163.com。

QTL 位点,10 个蛋白质含量相关的 QTL 位点。赵慧艳等^[14]以 200 份黑龙江省大豆品种为试验材料,利用 187 对 SSR 标记进行关联分析,分析出 10 个 SSR 标记与百粒重有关,5 个 SSR 标记与油脂有关,9 个 SSR 标记与蛋白质有关。Yang 等^[15]利用野生大豆染色体片段代换系定位 9 个与蛋白质含量相关的 QTL,8 个与油脂相关的 QTL,10 个与百粒重相关的 QTL。

四川省大豆资源丰富,籽粒性状变异幅度大。为进一步研究四川大豆种质资源的遗传多样性,拓宽大豆育种的遗传基础,本研究选取 232 份大豆材料构成的四川大豆自然群体为研究材料,根据生态区和品种类型将其划分为不同亚群,对亚群内籽粒蛋白质含量、油脂含量和百粒重性状进行统计分析;采用多态性良好的 135 对 SSR 引物对大豆群体的 3 个籽粒性状进行关联分析,旨在发掘四川大豆籽粒性状相关位点,为改善大豆籽粒性状、开展分子育种提供理论依据和骨干亲本。

1 材料与方法

1.1 材料

本研究选用的供试材料包含 209 份川渝地区的春大豆和夏大豆的地方品种和 23 份育成品种,共计 232 份川渝大豆资源,来源于四川省自贡市农业科学研究所和南充市农业科学院。

1.2 试验设计

本试验于 2017 年 6 月在四川省自贡市农业科学研究院(29°34'N,104°78'E)和安徽科技学院(32°52'N,117°33'E)试验田进行。试验材料设为单行区,行长 2 m,行距 0.5 m,株距 10 cm。采用随机区组设计,3 次重复。在大豆整个生长季节定期进行田间除草和病虫害防治。大豆成熟后,取中间 1 m 左右的行长进行收获,测定大豆籽粒的蛋白质含量、油脂含量及百粒重。

1.3 测定项目与方法

采用 FOSS 近红外整谷粒谷物速测定仪测定籽

粒蛋白质含量和油脂含量,同时测定大豆百粒重,每个小区收获的籽粒烘干后测定 3 次,取平均值。利用 Excel 2020、SPSS 22 和 SAS 9.4(SAS Institute Inc.,Cary,NC,USA)软件对群体中大豆籽粒蛋白质含量、油脂含量和百粒重性状进行表型数据统计分析。

1.4 全基因组关联分析与优异等位变异

从大豆 20 条染色体上选取 242 对 SSR 分子标记,筛选后获得 135 对扩增较好且分布均匀的 SSR 引物,SSR 引物序列来源于大豆基因组数据库(<https://www.soybase.org>)。利用 Structure 2.3.4 软件对 232 份川渝大豆材料进行群体结构分析并计算最优 K 值下 Q 值。利用 SPAGeDi 软件进行亲缘关系分析,并计算 Kinship,利用 TASSEL3.0^[16]软件,将 Q 值作为协变量,Kinship 值作随机效应,用混合线性模型(Mixed Linear Mode,MLM)模型进行 SSR 分子标记和大豆籽粒蛋白质含量、油脂含量和百粒重性状的关联分析,利用文自翔等^[17]提出的性状位点显著性标准($P<0.05$)且贡献率较高的关联位点进行判定,定位与大豆籽粒蛋白质含量、油脂含量和百粒重性状相关联的 SSR 分子标记位点,此时 R^2 值为表型贡献率。

2 结果与分析

2.1 川渝大豆群体籽粒性状的表型分析

对 232 份川渝大豆资源在 2 个环境条件下的籽粒蛋白质含量、油脂含量和百粒重数据进行分析。结果表明,群体蛋白质含量平均值为 42.65%,变幅为 39.32%~47.21%,变异系数为 3.09;油脂含量平均值为 18.38%,变幅为 15.75%~21.50%,变异系数为 5.33;百粒重平均值为 14.15 g,变幅为 7.59~32.45 g,变异系数为 31.80(表 1)。蛋白质含量、油脂含量和百粒重含量变异基本符合正态分布(图 1)。方差分析发现,供试品种间、环境间及品种与环境间的互作存在极显著差异,说明群体的蛋白质含量、油脂含量和百粒重性状存在真实的遗传差异。

表 1 川渝大豆群体中籽粒蛋白质含量、油脂含量和百粒重的统计分析
Table 1 The descriptive statistics of seed protein content,oil content and 100-seed weight of soybean in Sichuan and Chongqing

性状 Trait	地点 Site	最大值 Max.	最小值 Min.	平均值 Mean	标准差 STDEV	变异系数 CV/%	极差 Range	峰度值 KURT	偏度值 SKEW
蛋白质含量 Protein content/%	凤阳 Fengyang	49.75	39.79	44.48	1.71	3.84	9.96	0.20	-0.07
	自贡 Zigong	45.90	37.15	40.82	1.53	3.75	8.75	0.09	0.33
	平均值 Mean	47.21	39.32	42.65	1.32	3.09	7.89	0.17	0.30

续表 1

性状	地点	最大值	最小值	平均值	标准差	变异系数	极差	峰度值	偏度值
Trait	Site	Max.	Min.	Mean	STDEV	CV/%	Range	KURT	SKEW
油脂含量 Oil content/%	凤阳 Fengyang	24.84	14.18	18.40	1.32	7.17	10.66	2.89	0.34
	自贡 Zigong	20.72	14.72	18.38	1.01	5.50	6.00	0.37	-0.44
	平均值 Mean	21.50	15.75	18.38	0.98	5.33	5.75	0.12	-0.19
百粒重 100-seed weight/g	凤阳 Fengyang	31.55	7.18	14.39	4.42	30.72	24.37	0.71	0.85
	自贡 Zigong	33.35	6.43	13.90	4.79	34.46	26.92	1.61	1.13
	平均值 Mean	32.45	7.59	14.15	4.50	31.80	24.86	1.21	0.99

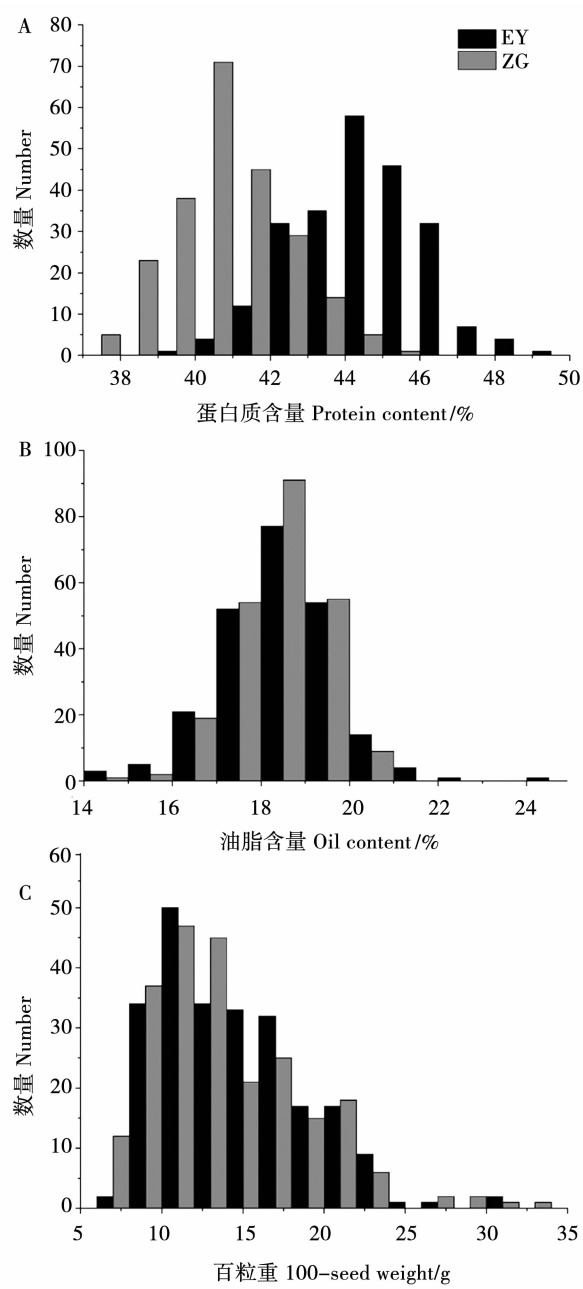


图 1 川渝大豆群体中蛋白质含量 (A)、油脂含量 (B) 和百粒重 (C) 频次分布图
Fig.1 The distribution frequency of protein content (A), oil content (B) and 100-seed weight (C) in Sichuan and Chongqing

2.2 亚群间籽粒性状的表型分析

根据生态区和品种类型将 232 份川渝大豆资源样本分为 7 大亚群,包含 6 个自然地域亚群(成都平原区 CDP、川西北高山高原区 APANS、川西南山地区 MASW、盆地丘陵区 HAB、盆周山地区 MAA 和重庆山地区 CQMA 和 1 个育成品种亚群(BV),具体分类结果参照何庆元等^[18]。成都平原区 CDP 亚群大豆籽粒蛋白质含量、油脂含量和百粒重的表型值变异范围分别为 40.45% ~ 46.10%、15.84% ~ 20.00% 和 8.87 ~ 21.77 g,均值分别为 42.59%、18.25% 和 13.72 g;川西北高山高原区 APANS 亚群大豆籽粒蛋白质含量、油脂含量和百粒重的表型值变异范围分别为 41.26% ~ 44.62%、15.8% ~ 20.09% 和 9.03 ~ 21.14 g,均值分别为 42.50%、18.18% 和 14.35 g;川西南山地区 MASW 亚群大豆籽粒蛋白质含量、油脂含量和百粒重的表型值变异范围分别为 40.23% ~ 45.57%、16.23% ~ 20.84% 和 8.21 ~ 22.31 g,均值分别为 42.67%、18.51% 和 14.77 g;盆地丘陵区 HAB 亚群大豆籽粒蛋白质含量、油脂含量和百粒重的表型值变异范围分别为 39.96% ~ 45.11%、16.45% ~ 19.96% 和 7.59 ~ 21.89 g,均值分别为 42.74%、18.24% 和 12.85 g;盆周山地区 MAA 亚群大豆籽粒蛋白质含量、油脂含量和百粒重的表型值变异范围分别为 40.61% ~ 44.8%、15.75% ~ 20.28% 和 8.16 ~ 25.56 g,均值分别为 42.65%、18.43% 和 13.78 g;重庆山地区 CQMA 亚群大豆籽粒蛋白质含量、油脂含量和百粒重的表型值变异范围分别为 39.32% ~ 44.69%、17.06% ~ 21.5% 和 7.88 ~ 21.97 g,均值分别为 42.18%、18.30% 和 12.14 g;育成品种 BV 亚群大豆籽粒蛋白质含量、油脂含量和百粒重的表型值变异范围分别为 40.83% ~ 47.21%、16.36% ~ 20.22% 和 12.52 ~ 32.45 g,均值分别为 43.25%、18.64% 和 19.68 g,明显高于其它 6 个亚群(图 2、表 2)。说明川渝大豆育成品种的选育目标是高产稳产、重点是优质。

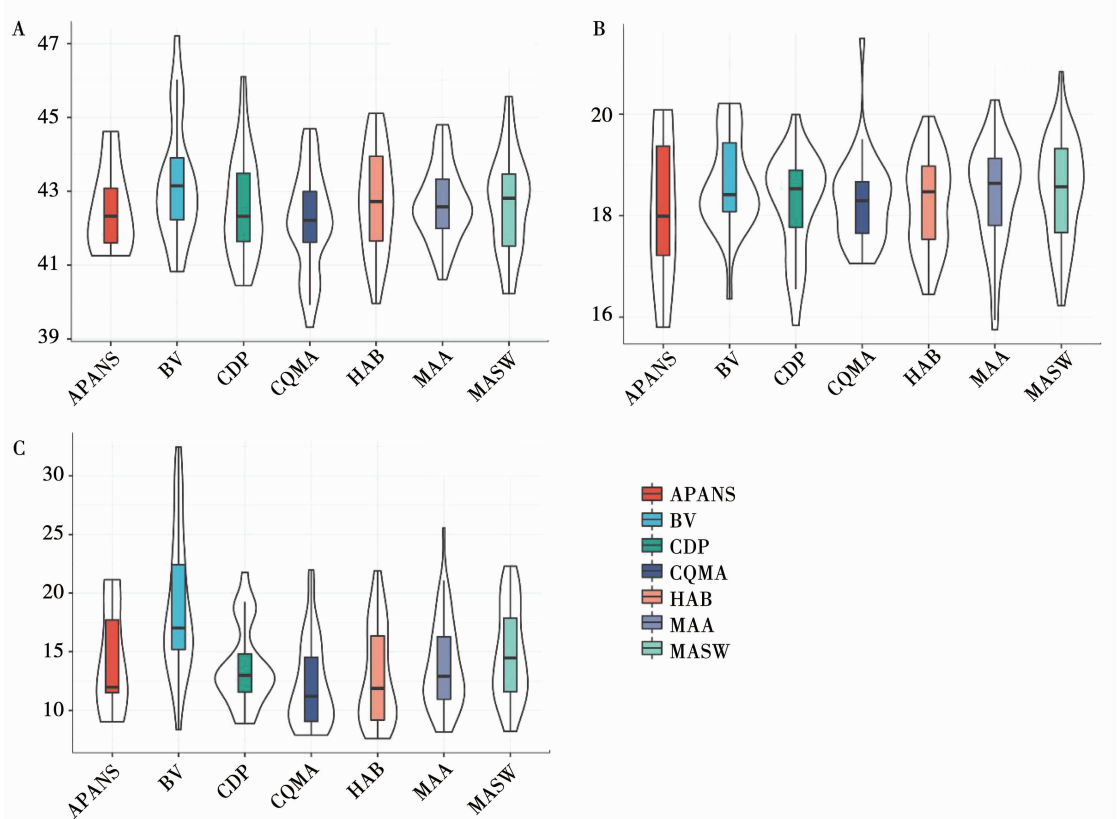


图2 川渝大豆7大亚群内籽粒蛋白质含量(A)、油脂含量(B)和百粒重(C)表型数据小提琴图

Fig.2 The distribution frequency of protein content(A) ,oil content(B) and 100-seed weight(C) in 7 sub-population of soybean in Sichuan and Chongqing

表2 川渝大豆7大亚群材料的蛋白质含量、油脂含量和百粒重的统计分析

Table 2 The descriptive statistics of protein content,oil content and 100-seed weight in 7 sub-population of soybean in Sichuan and Chongqing

生态区(个体数)	性状	地点	最大值	最小值	平均值	标准差	变异系数	极差
Ecotope(Number)	Trait	Site	Max.	Min.	Mean	STDEV	CV/%	Range
成都平原区 CDP(27)	蛋白质含量 Protein content/%	凤阳	48.07	41.47	44.30	1.72	3.88	6.60
		自贡	44.73	38.51	40.89	1.54	3.77	6.22
		平均值	46.10	40.45	42.59	1.39	3.26	5.65
	油脂含量 Oil content/%	凤阳	20.24	15.67	18.17	1.14	6.27	4.57
		自贡	19.77	14.72	18.33	1.11	6.06	5.05
		平均值	20.00	5.84	18.25	0.99	5.42	4.16
	百粒重 100-seed weight/g	凤阳	21.73	9.11	13.93	3.25	23.33	12.62
		自贡	21.80	8.10	13.51	3.75	27.76	13.70
		平均值	21.77	8.87	13.72	3.40	24.78	12.90
川西北高山高原区 APANS(8)	蛋白质含量 Protein content/%	凤阳	46.52	43.25	44.51	1.10	2.47	3.27
		自贡	42.71	37.78	40.50	1.77	4.37	4.93
		平均值	44.62	41.26	42.50	1.11	2.61	3.36
	油脂含量 Oil content/%	凤阳	21.53	14.86	17.81	2.05	11.51	6.67
		自贡	20.72	16.74	18.55	1.30	7.01	3.98
		平均值	20.09	15.80	18.18	1.46	8.03	4.29
	百粒重 100-seed weight/g	凤阳	21.77	8.72	14.63	4.38	29.94	13.05
		自贡	22.90	9.33	14.07	4.50	31.98	13.57
		平均值	21.14	9.03	14.35	4.31	30.03	12.11

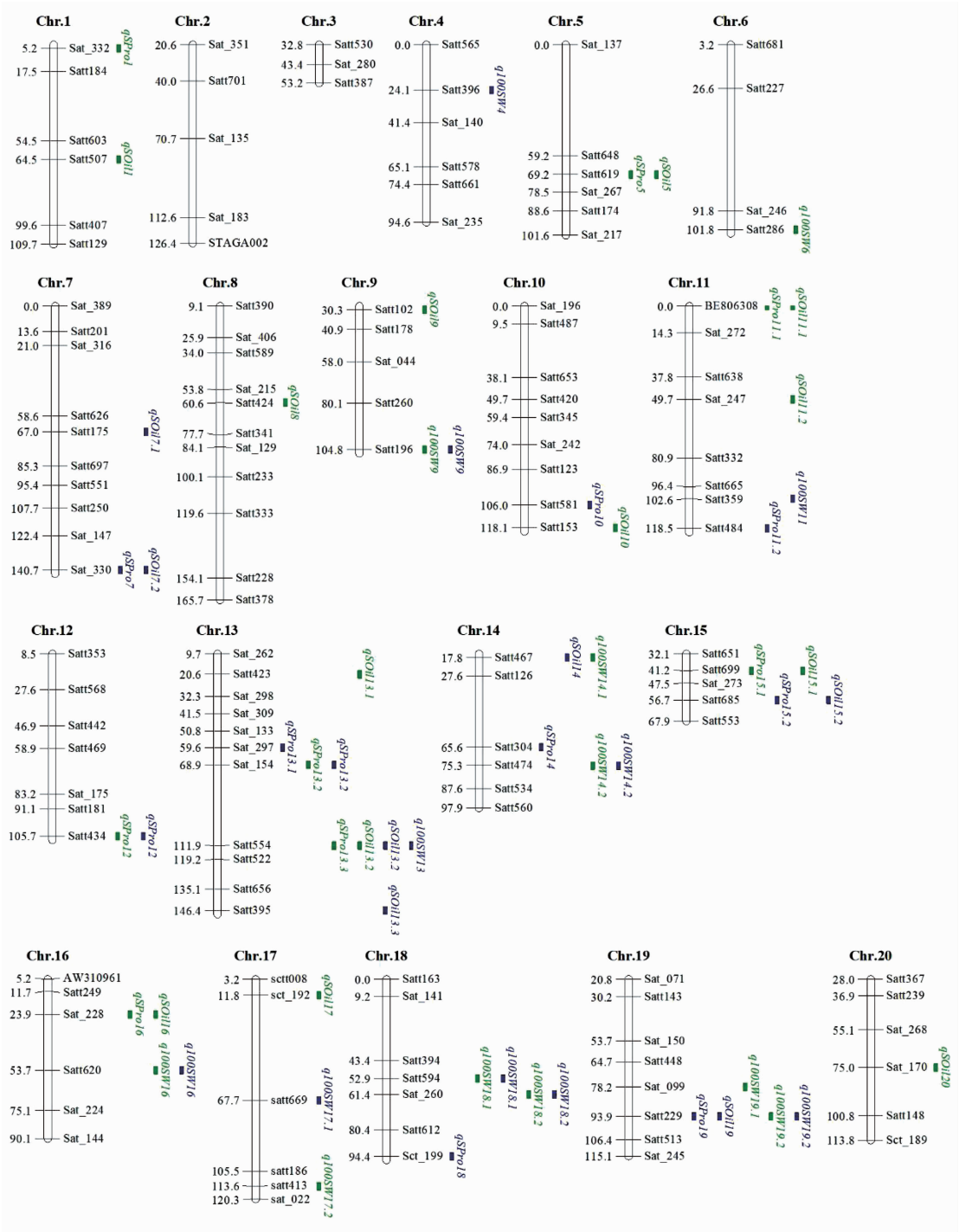
续表 2

生态区(个体数)	性状	地点	最大值	最小值	平均值	标准差	变异系数	极差
Ecotope(Number)	Trait	Site	Max.	Min.	Mean	STDEV	CV/%	Range
川西南山地区 MASW(45)	蛋白质含量 Protein content/%	凤阳	47.48	40.60	44.60	1.59	3.57	6.88
		自贡	44.42	37.41	40.73	1.72	4.22	7.01
		平均值	45.57	40.23	42.67	1.32	3.09	5.34
	油脂含量 Oil content/%	凤阳	21.55	15.56	18.49	1.20	6.49	5.99
		自贡	20.13	15.10	18.53	1.06	5.72	5.03
		平均值	20.84	16.23	18.51	1.01	5.46	4.62
	百粒重 100-seed weight/g	凤阳	23.15	8.01	15.33	4.30	28.05	15.14
		自贡	22.37	6.43	14.21	3.96	27.87	15.94
		平均值	22.31	8.21	14.77	3.99	27.01	14.10
盆地丘陵区 HAB(45)	蛋白质含量 Protein content/%	凤阳	47.00	40.18	44.51	1.74	3.91	6.82
		自贡	45.90	38.13	40.99	1.55	3.78	7.77
		平均值	45.11	39.96	42.74	1.37	3.21	5.15
	油脂含量 Oil content/%	凤阳	20.43	16.14	18.32	1.03	5.62	4.29
		自贡	20.17	16.34	18.21	1.04	5.71	3.83
		平均值	19.96	16.45	18.24	0.89	4.88	3.51
	百粒重 100-seed weight/g	凤阳	20.76	7.18	13.16	4.02	30.55	13.58
		自贡	23.07	7.23	12.54	4.27	34.05	15.84
		平均值	21.89	7.59	12.85	4.07	31.67	14.30
盆周山地区 MAA(50)	蛋白质含量 Protein content/%	凤阳	47.65	42.36	44.48	1.33	2.99	5.29
		自贡	44.50	38.09	40.82	1.24	3.04	6.41
		平均值	44.80	40.61	42.65	0.99	2.32	4.19
	油脂含量 Oil content/%	凤阳	21.77	14.18	18.54	1.41	7.61	7.59
		自贡	19.97	16.32	18.32	0.90	4.91	3.65
		平均值	20.28	15.75	18.43	1.01	5.48	4.53
	百粒重 100-seed weight/g	凤阳	23.74	8.31	14.19	3.74	26.36	15.43
		自贡	27.37	7.83	13.36	4.04	30.24	19.54
		平均值	25.56	8.16	13.78	3.78	27.43	17.40
重庆山地区 CQMA(34)	蛋白质含量 Protein content/%	凤阳	48.78	39.79	43.81	2.02	4.61	8.99
		自贡	43.35	37.15	40.55	1.51	3.72	6.20
		平均值	44.69	39.32	42.18	1.36	3.22	5.38
	油脂含量 Oil content/%	凤阳	24.84	14.42	18.31	1.54	8.41	10.42
		自贡	20.26	15.99	18.29	0.98	5.36	4.27
		平均值	21.50	17.06	18.30	0.87	4.75	4.44
	百粒重 100-seed weight/g	凤阳	22.17	8.24	12.24	3.55	29.00	13.93
		自贡	22.55	7.35	12.04	4.02	33.39	15.20
		平均值	21.97	7.88	12.14	3.70	30.48	14.09
育成品种 BV(23)	蛋白质含量 Protein content/%	凤阳	49.75	41.05	45.39	2.04	4.49	8.70
		自贡	44.66	38.87	41.11	1.68	4.09	5.79
		平均值	47.21	40.83	43.25	1.67	3.86	7.23
	油脂含量 Oil content/%	凤阳	22.85	15.62	18.64	1.49	7.99	7.23
		自贡	20.41	17.10	18.64	0.88	4.72	3.31
		平均值	20.22	16.36	18.64	0.97	5.20	7.23
	百粒重 100-seed weight/g	凤阳	31.55	11.84	19.05	5.68	29.82	19.71
		自贡	33.35	13.10	20.31	6.02	29.64	20.25
		平均值	32.45	12.52	19.68	5.73	29.12	7.23

2.3 籽粒性状的关联分析

2.3.1 蛋白质含量 在 2 个环境中共检测到 16 个蛋白质含量的关联标记,分别是 Sat_332(位于 Chr. 1, 命名为 *qSPro1*)、Satt619 (Chr. 5, *qSPro5*)、Sat_330 (Chr. 7, *qSPro7*)、Satt581 (Chr. 10, *qSPro10*)、BE806308 (Chr. 11, *qSPro11.1*)、Satt484 (Chr. 11, *qSPro11.2*)、Satt434 (Chr. 12, *qSPro12*)、Sat_297 (Chr. 13, *qSPro13.1*)、Sat_154 (Chr. 13, *qSPro13.2*)、Satt554 (Chr. 13,

qSPro13.3)、Satt304 (Chr. 14, *qSPro14*)、Satt699 (Chr. 15, *qSPro15.1*)、Satt685 (Chr. 15, *qSPro15.2*)、Sat_228 (Chr. 16, *qSPro16*)、Sct_199 (Chr. 18, *qSPro18*)和 Satt229 (Chr. 19, *qSPro19*),对蛋白质含量贡献率为 29.78%,其中 Satt554 贡献率最高,为 4.02%,标记 Sat_154 和 Satt434 可以在凤阳和自贡 2 个环境中同时检测到(图 3)。



蓝色和绿色分别代表凤阳和自贡环境中检测到的位点。
The blue and green bar on the chromosome represent SSR loci related to Fengyang and Zigong, respectively.

图 3 蛋白质含量、油脂含量和百粒重 QTL 在染色体上的分布
Fig. 3 The QTL mapping of protein content, oil content and 100-seed weight on chromosomes

2.3.2 油脂含量 检测到19个油脂含量的关联标记,分别是 Satt507(Chr. 1, *qSOil1*)、Satt619(Chr. 5, *qSOil5*)、Satt175(Chr. 7, *qSOil7.1*)、Sat_330(Chr. 7, *qSOil7.2*)、Satt424(Chr. 8, *qSOil8*)、Satt102(Chr. 9, *qSOil9*)、Satt153(Chr. 10, *qSOil10*)、BE806308(Chr. 11, *qSOil11.1*)、Sat_247(Chr. 11, *qSOil11.2*)、Satt423(Chr. 13, *qSOil13.1*)、Satt554(Chr. 13, *qSOil13.2*)、Satt395(Chr. 13, *qSOil13.3*)、Satt467(Chr. 14, *qSOil14*)、Satt699(Chr. 15, *qSOil15.1*)、Satt685(Chr. 15, *qSOil15.2*)、Sat_228(Chr. 16, *qSOil16*)、Sct_192(Chr. 17, *qSOil17*)、Satt229(Chr. 19, *qSOil19*)和 Sat_170(Chr. 20, *qSOil20*),对油脂含量贡献率为41.94%,其中 Satt229 贡献率最高,为4.67%,标记 Satt554 可以在凤阳和自贡2个环境中同时检测到(图3)。

2.3.3 百粒重 检测到14个百粒重的关联标记,分别是 Satt396(Chr. 4, *q100SW4*)、Satt286(Chr. 6, *q100SW6*)、Satt196(Chr. 9, *q100SW9*)、Satt359(Chr. 11, *q100SW11*)、Satt554(Chr. 13, *q100SW13*)、Satt467(Chr. 14, *q100-SW14.1*)、Satt474(Chr. 14, *q100SW14.2*)、Satt620(Chr. 16, *q100SW16*)、Satt669(Chr. 17, *q100SW17.1*)、Satt413(Chr. 17, *q100SW17.2*)、Satt594(Chr. 18, *q100SW18.1*)、Sat_260(Chr. 18, *q100SW18.2*)、Sat_099(Chr. 19, *q100SW19.1*)和 Satt229(Chr. 19, *q100SW19.2*),对百粒重贡献率为13.92%,其中 Satt594 贡献率最高,为1.48%,其中标记 Satt474、Satt594、Sat_260、Satt620、Satt196 和 Satt229 可以在凤阳和自贡2个环境中同时检测到(图3)。

3 讨论与结论

四川省处于长江流域春、夏大豆品种类型区,具有丰富的大豆资源,但是由于四川省地貌东西差异显著,由山地、丘陵、平原、盆地和高原等构成,大豆生产存在单产水平不够,品质不高等问题。大豆蛋白质含量、油脂含量和百粒重是重要的籽粒性状,优异的籽粒蛋白质和油脂是大豆优质的前提。鉴定和发掘川渝地区大豆种质资源中可利用的优异品种及性状关联位点对育种工作具有重要的指导意义。

本研究利用关联分析的方法通过多环境将大豆籽粒蛋白质含量、油脂含量和百粒重性状的表现型和基因型间建立联系,发掘一批与籽粒性状关联的位点。在表型方面,选用232份川渝地区地方品种和育成材料构成的自然群体为试验材料,四川自贡和安徽凤阳2个环境中大豆籽粒的蛋白质含量、

油脂含量和百粒重平均值分别为42.65%、18.38%和14.15 g。籽粒蛋白质含量和油脂含量的变异较小,百粒重的变异较大。且大豆籽粒的蛋白质含量、油脂含量和百粒重在四川自贡和安徽凤阳地区间的差异显著,说明环境和地理位置对大豆籽粒的蛋白质含量、油脂含量和百粒重性状影响较大。同时根据生态区和品种类型将该群体划分为7大亚群,各个亚群中品种的籽粒蛋白质含量、油脂含量和百粒重表型性状差异显著,背景差异丰富。其中除育种品种亚群外,其余6个亚群大豆籽粒蛋白质含量的均值为42.50%左右,油脂含量均值低于18.60%,百粒重均值低于14.80 g。而育成品种亚群蛋白质含量和油脂含量都高于其余6个亚群,特别是百粒重均值为19.68 g,明显高于其它6个亚群,这是长期人工选择育种的结果。

对大豆3个籽粒性状的关联分析结果表明,49个标记与大豆3个品质性状相关联,分别位于除Chr. 2和Chr. 3外的18条染色体上。其中蛋白质含量相关的位点 Sat_154 和 Satt434,油脂含量相关的位点 Satt554,百粒重相关的位点 Satt474、Satt594、Sat_260、Satt620、Satt196 和 Satt229 可以在凤阳和自贡2个环境中同时检测到;同时,7个位点 Satt619、Sat_330、BE806308、Satt467、Satt669、Satt685 和 Sat_228与籽粒的2个性状同时存在关联;2个位点 Satt554 和 Satt229 与籽粒的蛋白质含量、油脂含量和百粒重性状同时存在关联,与研究结果相同^[19-24],其中 Satt554 位点贡献率分别为4.02%、2.59%和0.92%; Satt229 位点贡献率分别为2.77%、4.67%和1.44%。同一个位点和2个或者2个以上的性状存在关联,说明存在一因多效或者控制性状的紧密连锁基因。

本研究以自然群体为研究对象,获得3个与籽粒性状关联的位点,但本研究只基于少量的分子标记进行关联分析,目标片段还需进一步加密标记以确定性状紧密连锁的分子标记,提高该区段 QTL 存在的真实性。其次,目前已经对该群体进行了全基因组高密度扫描,下一步期望找到重要的基因组目标区段,开展分子设计育种,同时采用关联分析法,确定与籽粒性状相关的单核苷酸多态性或者碱基单倍型,为大豆分子标记辅助育种提供高效分子标记,提高大豆育种效率。

参考文献

[1] 杜佳兴,刘婧琦,盖志佳,等. 播期对高蛋白大豆籽粒品质及产量的影响[J]. 中国农学通报,2019,35(35):31-34. (Du J X, Liu J Q, Gai Z J, et al. Sowing dates affect seed quality and yield of

high protein soybean [J]. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2019, 35(35): 31-34.)

[2] 齐波,杨加银. 大豆籽粒蛋白质含量相关 QTL 定位研究进展 [J]. 中国农学通报, 2017, 33(34): 56-62. (Qi B, Yang J Y. Quantitative trait locus mapping of seed protein content in soybean: Progress [J]. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2017, 33(34): 56-62.)

[3] Leamy L J, Zhang H Y, Li C B, et al. A genome-wide association study of seed composition traits in wild soybean (*Glycine soja*) [J]. BMC Genomics, 2017, 18(1): 3-15.

[4] 刘家伶,张君,韩笑,等. 基于高密度大豆 SNP 遗传图谱的蛋白质和脂肪含量 QTL 定位及基因注释 [J]. 大豆科学, 2021, 40(2): 149-158. (Liu J L, Zhang J, Han X, et al. Protein and fat content QTL mapping and gene annotation based on high-density soybean SNP genetic map [J]. Soybean Science, 2021, 40(2): 149-158.)

[5] Carpentieri-Pipolo V, Pipolo A E, Abdel-Haleem H, et al. Identification of QTLs associated with limited leaf hydraulic conductance in soybean [J]. Euphytica, 2012, 186(3): 679-686.

[6] Qi Z M, Wu Q, Han X, et al. Soybean oil content QTL mapping and integrating with meta-analysis method for mining genes [J]. Euphytica, 2011, 179: 499-514.

[7] Mao T T, Jiang Z F, Han Y P, et al. Identification of quantitative trait loci underlying seed protein and oil contents of soybean across multi-genetic backgrounds and environments [J]. Plant Breeding, 2013, 132(6): 630-641.

[8] Chapman A, Pantalone V R, Ustun A, et al. Quantitative trait loci for agronomic and seed quality traits in an F₂ and F_{4,6} soybean population [J]. Euphytica, 2003, 129(3): 387-393.

[9] Chung J, Babka H L, Graef G L, et al. The seed protein, oil, and yield QTL on soybean linkage group I [J]. Crop Science, 2003, 43(3): 1053-1067.

[10] Lee S H, Park K Y, Lee H S, et al. Genetic mapping of QTLs conditioning soybean sprout yield and quality [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2001, 103(5): 702-709.

[11] 于志远,王伟威,魏嵘,等. 利用关联分析方法挖掘自然群体中大豆油分 and 蛋白质含量相关 SSR 标记 [J]. 大豆科学, 2015, 34(6): 977-981. (Yu Z Y, Wang W W, Wei L, et al. Exploiting SSR loci related with soybean oil and protein content by using association analysis in natural population [J]. Soybean Science, 2015, 34(6): 977-981.)

[12] 王自力,郭呈宇,张吉顺,等. 江淮地区大豆籽粒高蛋白含量新品系的发掘与遗传关系分析 [J]. 中国油料作物学报, 2015, 37(6): 780-788. (Wang Z L, Guo C Y, Zhang J S, et al. Identification and genetic relationship of elite soybean breeding lines with high seed protein content in Yangtze-Huai River Valleys [J]. Chinese Journal of Oil Crop Sciences, 2015, 37(6): 780-788.)

[13] 齐照明,侯萌,韩雪,等. 东北地区大豆主栽品种油份蛋白含量的关联分析 [J]. 中国油料作物学报, 2014, 36(2): 168-174. (Qi Z M, Hou M, Han X, et al. Association analysis of soybean oil and protein content for northeast soybean cultivar in China [J]. Chinese Journal of Oil Crop Sciences, 2014, 36(2): 168-174.)

[14] 赵慧艳,林春雨,梁晓宇,等. 黑龙江省大豆推广品种农艺品质性状优异等位变异发掘 [J]. 中国油料作物学报, 2019, 41(5): 688-695. (Zhao H Y, Lin C Y, Liang X Y, et al. Mining of novel alleles of agronomic traits and quality traits in soybean commercial varieties in Heilongjiang Province [J]. Chinese Journal of Oil Crop Sciences, 2019, 41(5): 688-695.)

[15] Yang H Y, Wang W B, He Q Y, et al. Identifying a wild allele conferring small seed size, high protein content and low oil content using chromosome segment substitution lines in soybean [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2019, 132: 2793-2807.

[16] Edward Buckler Lab [EB/OL]. <http://www.maizegenetics.net/bioinformatics/ta-ssel>, 2011-10-22.

[17] 文自翔,赵团结,郑永战,等. 中国栽培和野生大豆农艺及品质性状与 SSR 标记的关联分析 II. 优异等位变异的发掘 [J]. 作物学报, 2008, 34(8): 1339-1349. (Wen Z X, Zhao T J, Zheng Y Z, et al. Association analysis of agronomic and quality traits with SSR markers in *Glycine max* and *Glycine soja* in China: II. exploration of elite alleles [J]. Acta Agronomica Sinica, 2008, 34(8): 1339-1349.)

[18] 何庆元,向仕华,杨华伟,等. 川渝地区地方和育成大豆品种 SSR 标记多样性分析 [J]. 中国油料作物学报, 2018, 40(3): 326-334. (He Q Y, Xiang S H, Yang H W, et al. Diversity analysis of SSR of local and bred soybean varieties in Sichuan and Chongqing [J]. Chinese Journal of Oil Crop Sciences, 2018, 40(3): 326-334.)

[19] 任丙新. 大豆蛋白质、脂肪及脂肪酸主要组分含量 QTL 定位 [D]. 北京: 中国农业科学院, 2020: 1-58. (Ren B X. QTL mapping of soybean protein content, oil content and fatty acid contents [D]. Beijing: Chinese Academy of Agricultural Sciences Dissertation, 2020: 1-58.)

[20] Hyten D L, Pantalone V R, Sams C E, et al. Seed quality QTL in a prominent soybean population [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2004, 109(3): 552-561.

[21] Csanadi G, Vollmann J, Stift G, et al. Seed quality QTLs identified in a molecular map of early maturing soybean [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2001, 103(6-7): 912-919.

[22] Funatsuki H, Kawaguchi K, Matsuba S, et al. Mapping of QTL associated with chilling tolerance during reproductive growth in soybean [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2005, 111(5): 851-861.

[23] Wang W B, He Q Y, Yang H Y, et al. Identification of QTL/segments related to seed-quality traits in *G. soja* using chromosome segment substitution lines [J]. Plant Genetic Resources, 2014, 12(S1): S65-S69.

[24] 陈庆山,蒋洪蔚,孙殿君,等. 利用野生大豆染色体片段代换系定位百粒重 QTL [J]. 大豆科学, 2014, 33(2): 154-160. (Chen Q S, Jiang H W, Sun D J, et al. QTL mapping for 100-seed weight using wild soybean chromosome segment substitution lines [J]. Soybean Science, 2014, 33(2): 154-160.)