



基于国内外大豆品种比较的中国大豆品种改良路径探索

郭勇, 姜思琦, 于莉莉, 徐江源, 洪慧龙, 邱丽娟

(中国农业科学院作物科学研究所/作物基因资源与育种全国重点实验室/农作物基因资源与遗传改良国家重大科学工程/农业农村部北京大豆生物学重点实验室, 北京 100081)

摘要:我国的大豆生产落后于世界大豆主产国,从品种角度看,存在着单产水平低、油分含量低等问题。本文对主产国大豆品种研发应用情况以及美国大豆品种发展趋势进行分析,明确了美国在大豆种质的资源研究、育种技术研发、品种特性鉴定以及环境因素研究等方面对于大豆品种研发的促进作用。通过对中美大豆品种特性的全面比较分析,明确我国大豆品种在单产、含油量、种植密度等方面的差距,提出了快速提升我国大豆品种产量和品质的路径,即通过对高油大豆资源进行表型精准鉴定,研发全基因组选择、转基因等高效育种技术,聚合产量和其他优异性状,创制优异大豆种质,设计培育高油高产突破性品种,以期为中国大豆品种改良研究提供参考。

关键词:大豆;品种改良;高油高产;路径

Exploration of Pathway on the Improvement of Chinese Soybean Varieties Based on Comparison Between China and Foreign Countries

GUO Yong, JIANG Siqi, YU Lili, XU Jiangyuan, HONG Huilong, QIU Lijuan

(State Key Laboratory of Crop Gene Resources and Breeding, The National Key Facility for Crop Gene Resources and Genetic Improvement (NFCRI) and MOA Key Lab of Soybean Biology (Beijing), Institute of Crop Science, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081, China)

Abstract: Soybean production of China lags behind the main soybean producing countries in the world. From the view of variety, low yield and oil content are the major problems. In this manuscript, the research and application of international soybean varieties and the development trend of soybean varieties in the United States are analyzed. The promoting roles of soybean germplasm characterization, breeding technology development, variety characteristic identification, and environmental factors research are clarified. The characteristics of soybean varieties between China and the United States are also analyzed and the differences in yield, oil content, planting density, and other aspects of soybean varieties are identified. Furthermore, a pathway to rapidly improve the yield and quality of soybean varieties in China were proposed, which including precise phenotypic identification of soybean germplasm with high oil, efficient development of breeding techniques such as whole genome selection and genetic transformation, development of excellent soybean germplasm to pyramid yield and other excellent traits, and cultivation of breakthrough varieties by molecular design. These content will provide information for the improvement research of soybean varieties in China.

Keywords: soybean; variety improvement; high oil and high yield; pathway

大豆原产于我国,是重要的粮油作物和食用植物蛋白来源。2023 年全球大豆产量 3.7 亿 t,巴西、美国 and 阿根廷是种植面积和产量位居世界前三位的国家,这 3 个国家的大豆产量之和占世界总产量的 80%^[1]。中国 2023 年的大豆产量为 2 084 万 t^[2],仅占世界的 5.6%,居世界第四位。随着经济社会发展和人民生活水平的提高,我国对大豆需求量逐年增加,国产大豆远远不能满足需求,需要从国外进口,近年来我国每年进口大豆占消费量的比例都超过了 80%^[2],这些进口大豆主要来源于巴西、美国 and 阿根廷等国家。

与三大主产国相比,我国大豆存在着单产水平

低、油份含量低等问题,为适应产业发展的需求,亟需培育高油高产大豆新品种。本文对大豆主产国特别是美国大豆品种发展趋势进行了深入分析,通过中美大豆品种特性的比较,提出当前和今后我国大豆品种培育发展策略,探索我国大豆品种改良路径,以期为我国大豆产业的发展提供参考。

1 大豆主产国品种研发应用情况

世界三大主产国美国、巴西和阿根廷大豆种植面积的 95% 以上种植的是转基因大豆品种,转基因性状从耐除草剂向耐除草剂抗虫等多基因复合方向发展,转基因技术、基因编辑等生物育种技术使

得国际大豆品种研发进入精准、高效的基因设计育种时代,特别是转基因技术的迅速发展促进了世界大豆主产国大豆产量自 20 世纪 90 年代初高速增长,年复合增长率高达 8.7%。

1.1 耐除草剂转基因大豆的应用促进了大豆生产的发展

自 1996 年转基因作物商业化种植以来,转基因作物的种植面积一直呈稳步增长趋势。2023 年全球转基因作物种植面积达到 2.06 亿 hm^2 ,批准种植转基因作物的国家有 27 个^[3]。从 1996 年到 2023 年全球转基因作物累计种植面积 35.2 亿 hm^2 ,其中 1/2 是转基因大豆,转基因大豆成为世界上推广时间最早、推广面积最大的转基因作物。自耐草甘膦转基因大豆 GTS 40-3-2 首次获得在美国商业化种植的许可以来,全球转基因大豆种植面积以年均 5% 左右的速度持续增加,GTS 40-3-2 也是在不同国家和地区获得监管机构批准最多的转化体^[4]。2023 年,全球转基因大豆种植面积 1.009 亿 hm^2 ,占大豆总种植面积的 72.4%,占全球转基因作物总种植面积的 48.9%,主要分布在巴西、美国、阿根廷、巴拉圭、加拿大、玻利维亚、乌拉圭和南非等国家,其中巴西转基因大豆种植面积自 2019 年以来始终位居全球第一。截至 2023 年,全球已批准应用的大豆转化事件 43 个,其中独立转化事件 27 个,杂交选育转化事件 16 个,35 个具有耐除草剂特性^[5]。耐除草剂转基因大豆推广应用带来了大豆种植制度变革,带动单产和种植面积的大幅度提高,是美国、巴西等国家大豆产业迅猛发展的重要引擎。

1.2 耐除草剂抗虫等复合性状转基因大豆应用面积不断扩大

除了耐除草剂转基因大豆,聚合多基因、多性状的转基因大豆品种正逐渐成为转基因大豆研发的主流^[6]。国际种业巨头研发出了耐多种除草剂转基因大豆,为除草剂的使用提供了更多的选择;培育出的抗虫转基因大豆,对鞘翅目、鳞翅目、直翅目昆虫有良好的防治效果。耐除草剂和抗虫等复合性状转基因大豆的种植面积已经达到 40% 以上,兼抗虫、耐除草剂转基因大豆以及油酸含量达到 70% 以上的转基因大豆陆续投放市场。例如含有 5

个基因的转基因大豆 Intacta 2 Xtend,具有抗虫、耐草甘膦和麦草畏除草剂的特性,是由 4 个大豆转化体(MON87751 × MON87701 × MON87708 × MON8978)聚合而成,2021 年在巴西上市。含有 *Cry14Ab-1* 和 *hppdPf-4Pa* 基因的 GMB151 大豆,具有抗大豆胞囊线虫和耐受对羟基苯基丙酮酸双氧化酶(HPPD)抑制剂类除草剂(硝磺草酮、异噁唑草酮和环磺酮等)的特性,2022 年获美国种植许可。

1.3 基因编辑大豆不断涌现

基因编辑技术可对内源基因进行精准定点编辑,实现作物性状的快速改良,缩短育种时间,降低成本^[7]。在大豆中,通过基因编辑技术获得了品质(高油酸、无豆腥味、高异黄酮等)、生育期、开花期等性状改良,以及抗病、抗逆性提高的大豆新材料^[8-13]。Calyxt 公司利用 TALEN 技术编辑大豆内源基因 *FAD2-1A* 和 *FAD2-1B*,开发出高油酸大豆 FAD2KO,油酸含量达到 80%,远超受体品种油酸含量(20%)。2023 年我国研发的基因编辑高油酸大豆 AE15-18-1 获得了国内首个植物基因编辑安全证书,其油酸含量能够达到 80% 以上。

可见,美国、巴西和阿根廷等世界大豆主产国生产主要应用转基因品种,基因编辑大豆也将成为重要的育种方向。

2 美国大豆新品种发展趋势

美国的大豆是由东印度公司的海员于 1765 年带到美国的佐治亚州,之后相继传入美洲其他国家。100 多年来,美国大豆的发展主要经历了引种扎根阶段(1765—1897 年)、迅速发展阶段(1898—1972 年)、波动性发展阶段(1973—1995 年)和稳定成熟阶段(1996—2019 年)^[14]。根据美国农业部国家农业统计局的统计数据(<https://quickstats.nass.usda.gov/>),近百年来美国大豆的种植面积、产量和单产总体呈上升趋势,其中种植面积从 1924 年的 18.1 万 hm^2 增至 2023 年的 3 332.8 万 hm^2 ,年均增长率 5.41%;大豆产量从 1924 年的 13.5 万 t 增加至 2023 年的 1.13 亿 t,年均增长率 7.04%;单产从 1924 年的 742.6 $\text{kg} \cdot \text{hm}^{-2}$ 增至 2023 年的 3 400.9 $\text{kg} \cdot \text{hm}^{-2}$,年均增长率 1.55% (图 1)。

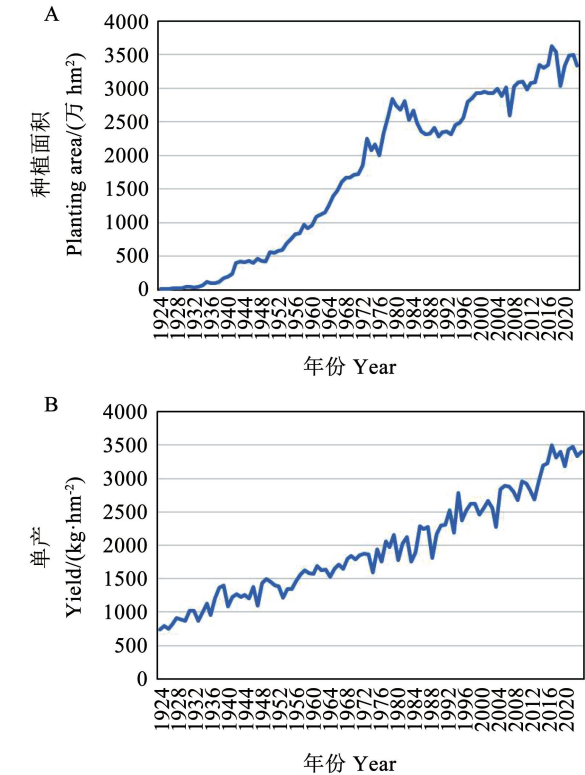


图 1 1924—2023 年美国大豆种植面积 (A) 和单产 (B) 变化趋势

Fig. 1 Trends of soybean planting area (A) and yield (B) in the United States from 1924 to 2023

2.1 种质资源和品种评价全面

美国保存有 22 700 份大豆种质资源,这些资源已经开展了系统的基因型和表型性状评价^[15]。在基因型鉴定方面,利用 SoySNP50K 芯片对这些材料进行了全基因组的基因型鉴定,发现具有不同地理来源的大豆种质资源往往有不同的遗传背景,从野生大豆到地方品种再到栽培品种的遗传多样性急剧降低^[16]。在表型鉴定方面,所有的大豆种质资源都完成了 20 个以上的农艺性状和种子特性的鉴定评价,并通过美国种质资源信息网 (Germplasm Resources Information Network) 提供数据 (<https://www.ars-grin.gov/>)。对于选育的品种,评价的性状更加全面,对植株特性、主要农艺性状、田间病害、病虫害抗性位点、土壤适应性等 40 多个性状进行深入评价,明确了品种的最适环境。

2.2 育种技术创新

美国传统的大豆育种主要采用系谱法、改良一粒传法和分子标记辅助选择等,常规育种需要配置大量的杂交组合,保持较大变异的遗传群体,从 F₄ 或 F₅ 选单株,鉴定并选择品系,进一步通过产量鉴定来选育优良品种^[17]。传统的大豆育种通常需要

至少 6 年左右时间才能培育出新的品种或种质,与常规育种技术相比,全基因组选择等生物育种技术实现了对低世代材料的选择鉴定,可将育种年限缩短到 4 年^[18]。转基因技术打破了物种界限,跨物种转移基因,从而解决常规方法不能解决的重大生产问题,利用转基因技术,美国培育出耐除草剂、抗虫以及复合性状的转基因大豆品种,有效地解决了草害和虫害问题,实现了规模化生产。基因编辑等新技术的出现使育种研发的方式呈现多样化,研发的产品更加高效,基因编辑育种正逐步走向应用,例如 2019 年利用基因编辑技术培育的高油酸大豆 FAD2KO 获得美国食品药品监督管理局 (FDA) 的批准。全基因组选择技术利用分子标记构建预测模型,对目标性状进行预测和定向选择,从而减少育种工作量,显著缩短育种周期,提高育种效率。大豆的全基因组选择主要集中在产量、生育期、品质和抗病性的预测。Stewart-Brown 等^[19] 利用 483 个育成品种,通过基因型鉴定进行性状预测,对蛋白质含量、油分含量和产量的预测准确率分别达到 81%、71% 和 26%。

2.3 大豆新品种的优良特性不断提升

从 20 世纪 20 年代开始,美国大豆新品种产量不断提升,至 2021 年单产增加了约 3.7 倍,大豆总产量增加 900 倍^[18]。白智媛等^[20] 基于 1991—2019 年美国 213 个大豆品种试验站点共计 102 244 个点次的观测数据,研究了近 30 年来美国大豆品种 (系) 农艺和品质性状的时空变化特征。在产量性状方面,1991—2003 年大豆单产稳定在 3 000 kg·hm⁻², 2004—2019 年单产以年均 46.4 kg·hm⁻² 的速度显著增加,有 5.6% 的试验点单产达到 5 000 kg·hm⁻²; 1991—2003 年百粒重年均降低 0.12 g, 2004—2019 年百粒重无明显变化,稳定在 15 g 左右,以中粒为主。在品质性状方面,1991—2003 年油脂含量以年均 0.07% 的速度降低, 2004—2019 年油脂含量以年均 0.19% 的速度显著增加,目前平均油脂含量在 22.0% 以上; 1991—2003 年和 2004—2019 年蛋白质含量变化不显著,平均蛋白含量在 40% 左右,也就是说美国大豆品种在提高油脂含量的同时,蛋白含量并未明显降低。Assefa 等^[21] 对 2012—2016 年美国大豆品种试验的数据分析结果表明大豆品种的单产逐年增加,每增加 1 000 kg·hm⁻² 的产量,蛋白质产量增加 350 kg·hm⁻², 油分产量增加 200 kg·hm⁻²。

2.4 遗传和环境因素对大豆产量影响研究不断深入

要提高农作物产量,需要在生产环境中优化每一个影响产量的生物或非生物因素,美国对于遗传和环境因素对大豆产量的影响进行了深入研究。研究表明农业技术的进步,以及大气中二氧化碳的持续增加,有助于大豆产量的上升;光合作用、固氮性能等生理性状的变化对大豆产量也产生影响,并且新品种比老品种表现出更好的固氮性和干物质积累量,相对于老品种,新品种在高密度种植下表现出增产^[22]。病害是影响大豆产量的重要因素,大豆胞囊线虫、木炭腐病和苗期病害最具破坏性,锈病、细菌性枯萎病和南方枯萎病破坏性最小,美国北部和南部因病害造成的经济损失分别为 808.9 和 545.9 亿美元,北方每公顷总经济损失是南方的 1.54 倍^[23]。非生物胁迫的研究表明,对大豆产量负面影响最大的是高温和夏季作物繁殖期的低土壤湿度,其他负向影响产量的重要因素是生长早期较低的蒸散量和后期较低温度,而干旱和高温也会诱导不同生长抑制模式,可以同时降低作物的光合速率和最终的产量,因此,深入研究逆境可能给大豆生产带来的风险是确保大豆产量和品质改良的重要措施。

3 中美大豆品种特性比较

通过对中美大豆品种特性进行比较分析,可以看出中国大豆品种的单产、含油量和抗性等综合性状明显低于美国品种,相同纬度种植密度也比美国要低,遗传分析研究表明中美大豆品种存在着大量的遗传变异,说明中美育种家在遗传改良过程中选择了不同位点,中美品种特性的差异主要是育种目标的不同造成的。

3.1 中美大豆品种综合性状的比较分析

中美大豆品种最显著的差距是单产,2023 年美国大豆平均单产是 3 401 kg·hm⁻²,而我国大豆平均单产为 1 991 kg·hm⁻²,不到美国的 60%。1996—2023 年,美国大豆单产从 2 527 kg·hm⁻² 提高到 3 401 kg·hm⁻²,同期我国大豆单产仅从 1 770 kg·hm⁻² 提高到 1 991 kg·hm⁻²,中美大豆单产差距由 787 kg·hm⁻² 扩大到 1 410 kg·hm⁻²,单产差距不断拉大(图 2)。根据国家大豆产业技术系统统计,实现良种良法配套的情况下,我国东北、黄淮海和南方大豆产区万亩平均产量分别可达 2 775,3 000 和 2 625 kg·hm⁻²,这与美国等发达国家相比仍有相当的差距。

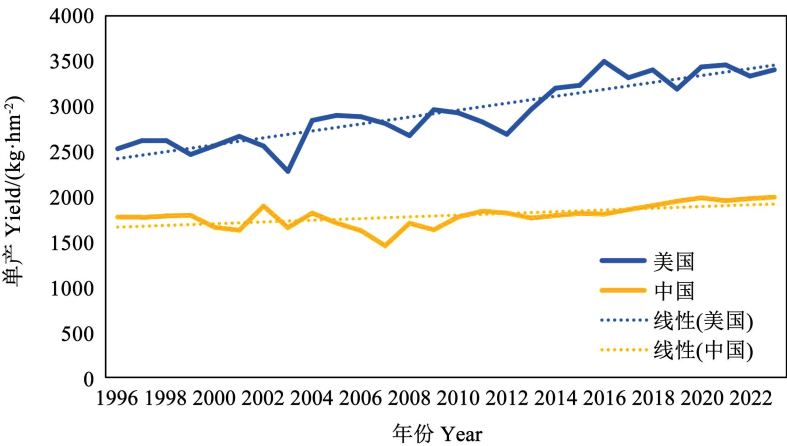


图 2 1996—2023 年中大豆单产比较

Fig. 2 Comparison of soybean yield between China and the United States from 1996 to 2023

从品质上看,我国大豆的含油量普遍比美国大豆低。2000—2021 年,美国大豆平均含油量为 21.8%;同期我国国审大豆品种平均含油量则为 20.5%,比美国大豆低 1.3 百分点。在抗性方面,美国已经实现了耐除草剂、抗虫等转基因大豆品种的产业化,有效解决了草害虫害问题,同时注重新品种抗病性(疫霉根腐病、胞囊线虫病、茎腐病等)、耐逆性(干旱、土壤 pH 值、铁离子缺乏、土壤肥力、土

壤生产力)等性状的改良,而国内转基因大豆尚未实现产业化,在品种选育过程中对抗病耐逆等特性的鉴定也较少。

3.2 中美大豆品种种植密度的比较分析

大豆产量是依靠群体获得的,合理密植能够建立适宜的群体结构。对于耐密植的品种来说,提高密度可以提高单产;但是有的品种在高密度条件下,产量并不会超过甚至低于通常密度条件下的产

量。黄俊霞^[24]利用不同分枝类型品种进行密度比较试验,发现不同分枝类型品种产量最高的种植密度存在差异,黑河 43、金源 73、长密豆 30 和吉育 86 等 4 个品种最适宜的种植密度分别是 40 万、30 万、30 万和 20 万株·hm⁻²。通过对中美大豆品种种植密度的比较可以看出,中国大豆品种种植密度普遍低于美国品种,品种的耐密性较差。我国国家大豆品种区域试验中,北方春大豆区密度与当地大豆生产实际密度相当,东北北部的种植密度在 30 万株·hm⁻²以上,东北中南部的密度为 15 万~20 万株·hm⁻²,黄淮海地区为 20 万株·hm⁻²左右^[25]。在美国各州大豆的种植密度有一定的浮动,但都比同纬度中国的种植密度高,美国北达科他州和明尼苏达州种植密度超过 37 万株·hm⁻²,在美国中西部农场为 25 万~30 万株·hm⁻²,在美国南方种植密度 25 万株·hm⁻²^[26](表 1)。此外,不同生产环境的种植密度也不同,低产田密度为 31.3 万株·hm⁻²可达到产量最大,中产和高产田密度减少到 24 万株·hm⁻²产量可达到最大。

综合考虑品种、土壤条件、播期和耕作方式,早熟品种需提高播种量,高纬度地区种植密度高于低纬度地区,土壤条件差的地区种植密度高于土壤条件好的地区。

表 1 2021 年美国各州推荐大豆种植密度
Table 1 Planting density of soybean by states
in the United States in 2021

编号 No.	种植州 States	推荐种植密度 Plant density/ (万株·hm ⁻²)
1	北达科他州 North Dakota	37.5
2	南达科他州 South Dakota	33.0~49.5
3	威斯康星州 Wisconsin	30.0~39.0
4	密歇根 Michigan	24.0~37.5
5	艾奥瓦州 Iowa	24.0
6	伊利诺伊州 Illinois	27.0
7	俄亥俄州 Ohio	24.0~45.0
8	宾西法尼亚州 Pennsylvania	24.0~30.0
9	肯塔基州 Kentucky	24.0~34.5
10	北卡罗莱纳州 North Carolina	18.0~24.0
11	佐治亚州 Georgia	21.0~24.0
12	阿肯色州 Arkansas	18.0~30.0

3.3 中美大豆品种差异的遗传分析

中美大豆品种特性的差异主要是育种目标的不同造成的。Delannay 等^[27]对 158 个北美大豆育成品种的研究发现这些品种的遗传基础狭窄,仅能

追溯到 50 个祖先系,北方基因库中 10 个祖先系对种质贡献率超过了 80%,而南方基因库仅需 7 个;北方基因库贡献最大的种质多来自中国东北,南方基因库贡献的地理分布并不明显。李琼等^[28]利用 SSR 引物对包括 67 份中国大豆区试参试品种(系)和 53 份美国大豆品种进行遗传多样性及亲缘关系分析,结果表明中国大豆品种(系)比美国大豆品种的遗传多样性更高,大豆种质遗传多样性与地理来源具有一定相关性,不同地区间存在丰富的基因交流。Liu 等^[29]利用 5 361 个 SNP 标记对 277 份中国大豆品种和 300 份美国大豆品种鉴定结果也表明中国品种遗传多样性指数高于美国品种,LD 衰减距离要较美国品种短,与中美大豆品种间差异最显著相关的 10 个选择位点主要与环境适应性和产量性状相关。在基因组水平上,Shen 等^[30]对我国累计推广面积最大的大豆品种中黄 13 的基因组(Gmax_ZH13)进行从头组装,分析表明 Gmax_ZH13 和美国的 Williams 82 大豆基因组之间存在着大量的遗传变异,包括 1 404 个易位事件、161 个倒位事件、1 233 个倒位易位事件。Li 等^[31]通过对 2 214 份大豆种质资源基因组分析,鉴定到中国地方品种、中国选育品种和美洲选育品种间基因组显著差异片段 2 124 个,说明育种家在遗传改良过程中选择了不同位点,包括我国品种特有的抗病耐逆基因 263 个,美国品种特有的优异等位基因 132 个说明育种家在遗传改良过程中选择了不同位点。我国大豆品种富集了蛋白质含量、抗疫霉根腐病、抗胞囊线虫病等性状相关的优异等位基因,但单株产量、脂肪含量、抗病性相关的等位基因明显较少;美国选育品种富集了抗线虫、抗真菌性病害、脂肪含量等性状相关的优异等位基因。

4 中国大豆品种培育策略

通过对国内外大豆品种培育的分析可以看出中美大豆产量差距主要体现在品种上,品种的差距又集中在单产和油分含量上。在国产大豆已基本满足食用需求的基础上,进一步发展我国大豆生产首先要以高产为前提,关键是满足压榨用油,同时兼顾饲用豆粕需要。未来我国大豆品种培育的发展策略主要是围绕产业需求,坚持优先提升大豆产量和油分、兼顾压榨用蛋白综合效益的育种理念,加强生物育种技术创新,建立规模化高效育种技术体系,强化资源鉴定挖掘和优异种质创制,加快培育突破性高油高产大豆新品种,支撑主产区大豆产

能提升。

4.1 发掘优异大豆基因资源

建立高油高产大豆测试网络和鉴定平台,对高油大豆资源进行表型精准鉴定,发掘稳定高油、耐密抗倒、新株型等优异大豆种质资源。基于分子生物学手段,解析调控大豆油分含量、油分稳定性、产量和耐密抗倒的遗传基础及演变特点,深入挖掘调控大豆高油、株型、耐密抗倒等重要性状的优异基因资源。

4.2 研发高效育种技术

开发低成本高效基因型鉴定和高通量表型鉴定技术,优化各技术环节,提高大豆新品系鉴定和选择的效率。强化全基因组选择、转基因、基因编辑等技术的研究与应用,将生物技术(BT)与信息技术(IT)结合,开发优化大豆智能设计育种技术,定向创制和培育高油高产大豆。

4.3 创制优异大豆新种质

通过产量、株型、抗病虫、耐逆等多性状的改良,创制耐高密、高油、高产大豆新种质。产量从单性状改良到综合性状提高,包括在荚数不变基础上增加粒重;或荚粒数、株高不变增加节数,提高光合效率和转运效率等。此外,在密植条件下,筛选耐密抗倒结荚均匀的株型;同时增加抗病虫、耐逆性选择。

4.4 培育突破性新品种

利用关键基因改造设计品种,一方面提高单个性状,如增加高产品种的油分含量,或增加高油品种的产量,另一方面开展多个性状的协同改良,如增加高油品种的蛋白和产量,或同时提高油分和产量而不降低蛋白质含量,或同时提高油分、产量、蛋白质含量。通过高油与高产性状的协同改良,尤其是高油分条件下与蛋白质含量的协调,培育稳定高油高产的突破性大豆品种。

参考文献

[1] 韩天富,周新安,关荣霞,等. 大豆种业的昨天、今天和明天[J]. 中国畜牧业, 2021(12): 29-34. (HAN T F, ZHOU X A, GUAN R X, et al. Past, now and future of soybean seed industry [J]. China Animal Industry, 2021(12): 29-34.)

[2] 国家统计局. 中华人民共和国 2003 年国民经济和社会发展统计公报[J]. 中国统计, 2004(3): 6-10. (National Bureau of Statistics. Statistical Bulletin of National Economic and Social Development in People's Republic of China (Pr) in 2003[J]. China Statistics, 2004(3): 6-10.)

[3] AGBIOINVESTOR GM MONITOR. <https://www.agbioinvestor.com>.

[4] ISAAA. GM Approval Database. [valdatabase.

\[5\] 闫伟,董立明,何禹璇,等. 我国转基因大豆研究进展\[J\]. 农业科技管理, 2021, 40\(4\): 47-52, 71. \(YAN W, DONG L M, HE Y X, et al. Advance of studies on genetically modified soybeans in China\[J\]. Management of Agricultural Science and Technology, 2021, 40\(4\): 47-52, 71. \)

\[6\] 沈平,武玉花,梁晋刚,等. 转基因作物发展及应用概述\[J\]. 中国生物工程杂志, 2017, 37\(1\): 119-128. \(SHEN P, WU Y H, LIANG J G, et al. The overview in development and application of genetically modified crops\[J\]. China Biotechnology, 2017, 37\(1\): 119-128. \)

\[7\] 李树磊,郑红艳,王磊. 基因编辑技术在作物育种中的应用与展望\[J\]. 生物技术通报, 2020, 36\(11\): 209-221. \(LI S L, ZHENG H Y, WANG L. Application and prospect of gene editing technology in crop breeding\[J\]. Biotechnology Bulletin, 2020, 36\(11\): 209-221. \)

\[8\] DO P T, NGUYEN C X, BUI H T, et al. Demonstration of highly efficient dual gRNA CRISPR/Cas9 editing of the homeologous GmFAD2-1A and GmFAD2-1B genes to yield a high oleic, low linoleic and \$\alpha\$ -linolenic acid phenotype in soybean\[J\]. BMC Plant Biology, 2019, 19\(1\): 311.

\[9\] WANG J, KUANG H, ZHANG Z, et al. Generation of seed lip-oxygenase-free soybean using CRISPR-Cas9 \[J\]. The Crop Journal, 2020, 8\(3\): 432-439.

\[10\] HAN J, GUO B, GUO Y, et al. Creation of early flowering germplasm of soybean by CRISPR/Cas9 technology\[J\]. Frontiers in Plant Science, 2019, 10: 1446.

\[11\] CAI Y, WANG L, CHEN L, et al. Mutagenesis of *GmFT2a* and *GmFT5a* mediated by CRISPR/Cas9 contributes for expanding the regional adaptability of soybean\[J\]. Plant Biotechnology Journal, 2020, 18\(1\): 298-309.

\[12\] ZHANG P, DU H, WANG J, et al. Multiplex CRISPR/Cas9-mediated metabolic engineering increases *Soya bean* isoflavone content and resistance to *Soya bean* mosaic virus \[J\]. Plant Biotechnology Journal, 2020, 18\(6\): 1384-1395.

\[13\] XIAO Y, KARIKARI B, WANG L, et al. Structure characterization and potential role of soybean phospholipases A multigene family in response to multiple abiotic stress uncovered by CRISPR/Cas9 technology \[J\]. Environmental and Experimental Botany, 2021, 188\(17\): 104521.

\[14\] 杨幸雨,杨庆媛,王亚辉,等. 近百年美国大豆生产时空格局变化分析\[J\]. 世界农业, 2022\(3\): 25-35. \(YANG X Y, YANG Q Y, WANG Y H, et al. The analysis of spatial-temporal pattern changes of soybean production in the United States in recent 100 years\[J\]. World Agriculture, 2022\(3\): 25-35. \)

\[15\] NELSON R. Lessons from a soybean collection\[J\]. Crop Science, 2023, 63\(3\): 1050-1058.

\[16\] SONG Q, HYTEN D L, JIA G, et al. Fingerprinting soybean germplasm and its utility in genomic research \[J\]. G3-Genes Genomes Genetics, 2015, 5\(10\): 1999-2006.

\[17\] 李晓芝,张强,赵双进,等. 美国大豆生产、育种及产业现状 \[J\]. 大豆科学, 2011, 30\(2\): 337-340. \(LI X Z, ZHANG Q,](https://www.isaaa.org/gmappro-</p></div><div data-bbox=)

ZHAO S J, et al. Current situation of soybean production and breeding progress in the United States of America[J]. Soybean Science, 2011, 30(2): 337-340.)

[18] CANELLA VIEIRA C, CHEN P. The numbers game of soybean breeding in the United States[J]. Crop Breeding and Applied Biotechnology, 2021, 21(S): e387521S10.

[19] STEWART-BROWN B B, SONG Q, VAUGHN J N, et al. Genomic selection for yield and seed composition traits within an applied soybean breeding program [J]. G3-Genes Genomes Genetics, 2019, 9(7): 2253-2265.

[20] 白智媛, 陈向阳, 郑阿香, 等. 1991—2019 年美国大豆区试品种(系)农艺和品质性状时空变化特征[J]. 作物学报, 2023, 49(1): 177-187. (BAI Z Y, CHEN X Y, ZHENG A X, et al. Spatial-temporal variations for agronomic and quality characters of soybeans varieties(strains) tested in America from 1991 to 2019 [J]. Acta Agronomica Sinica, 2023, 49(1): 177-187.)

[21] ASSEFA Y, BAJJALIEH N, ARCHONTOULIS S, et al. Spatial characterization of soybean yield and quality (amino acids, oil, and protein) for United States[J]. Scientific Reports, 2018, 8(1): 14653.

[22] SPECHT J E, HUME D J, KUMUDINI S V. Soybean yield potential-A genetic and physiological perspective [J]. Crop science, 1999, 39(6): 1560-1570.

[23] BANDARA A Y, WEERASOORIYA D K, BRADLEY C A, et al. Dissecting the economic impact of soybean diseases in the United States over two decades [J]. PLoS One, 2020, 15(4): e0231141.

[24] 黄俊霞. 耐密大豆品种高产群体生理特征分析[D]. 长春: 吉林农业大学, 2020. (HUANG J. Analysis of physiological characteristics of high yield population in dense soybean varieties [D]. Changchun: Jilin Agricultural University, 2020.)

[25] 陈应志, 武婷婷, 邱强, 等. 浅析大豆种植密度对单产的影响[J]. 大豆科技, 2021(5): 14-17. (CHEN Y, WU T, QIU Q, et al. Analysis of the effect of soybean planting density on yield [J]. Soybean Science & Technology, 2021(5): 14-17.)

[26] CONLEY S, HOLSHOUSER D, INMAN M, et al. Science for Success: Soybean plant population density[Z]. United Soybean Board; Soybean Research & Information Network, 2021.

[27] DELANNAY X, RODGERS D M, PALMER R G. Relative genetic contributions among ancestral lines to North American soybean cultivars[J]. Crop Science, 1983, 23(5): 944-949.

[28] 李琼, 常世豪, 武婷婷, 等. 120 份大豆种质资源遗传多样性和亲缘关系分析[J]. 作物杂志, 2021(4): 51-58. (LI Q, CHANG S H, WU T T, et al. Genetic diversity and genetic relationship analysis of 120 soybean germplasm resources [J]. Crops, 2021, 4: 51-58.)

[29] LIU Z, LI H, WEN Z, et al. Comparison of genetic diversity between Chinese and American soybean (*Glycine max* L.) accessions revealed by high-density SNPs[J]. Frontiers in Plant Science, 2017, 8: 2014.

[30] SHEN Y, LIU J, GENG H, et al. De novo assembly of a Chinese soybean genome [J]. Science China Life Sciences, 2018, 61(8): 871-884.

[31] LI Y H, QIN C, WANG L, et al. Genome-wide signatures of the geographic expansion and breeding of soybean[J]. Science China-Life Sciences, 2023, 66(2): 350-365.

协 办 单 位

中国作物学会大豆专业委员会
东北农业大学大豆研究所
吉林省农业科学院大豆研究所
南京农业大学大豆研究所
辽宁省农业科学院作物研究所
河北省农林科学院粮油作物研究所