

极早熟超强适应性大豆黑科 56 号选育及遗传组成

韩德志

(黑龙江省农业科学院黑河分院, 黑河 164300)

摘要: 黑科 56 号系黑龙江省农业科学院黑河分院以黑河 33 号为母本、黑河 34 号为父本, 经有性杂交, 系谱法选育而成。在适应区出苗至成熟 105~110 d, 需 $\geq 10^{\circ}\text{C}$ 活动有效积温 2030~2100 $^{\circ}\text{C}$ 。亚有限结荚习性, 株高 69.6~75.0 cm, 有分枝, 白花, 尖叶, 灰色茸毛, 荚镰刀形, 成熟时呈褐色。籽粒圆形, 种皮黄色, 种脐浅黄色, 有光泽, 百粒重 16.5~19.0 g。5 年品质平均: 蛋白质含量 38.80%~43.05%, 脂肪含量 18.18%~19.69%。经过两级审定机构抗病鉴定, 灰斑病为 2 级, 抗 (R), 病毒病为 3 级, 中抗 (MR)。适合黑龙江省第五积温带下限及第六积温带上限种植。通过遗传系谱分析, 黑科 56 号细胞质基因来源于克山白眉, 通过育种第 3 轮到育种 12 轮共经历了 9 个传递过程, 细胞质遗传物质通过克山白眉 \rightarrow 紫花四号 \rightarrow 丰收 1 号 \rightarrow 黑河 54 \rightarrow 黑河 4 号 \rightarrow 黑交 7710 \rightarrow 黑河 9 号 \rightarrow 黑河 18 \rightarrow 黑河 33 号 \rightarrow 黑科 56 号完成 100% 遗传传递。黑科 56 号细胞核遗传追溯到 14 份祖先亲本, 具有丰富的遗传基础, 其核基因来自 2 份国外优异种质, 7 份东北地区的骨干地方品种, 4 份地方育成品种, 1 份野生大豆。祖先亲本贡献率从高到低依次: 北 92-28 (25.00%)、十胜长叶 (15.63%)、黑交 83-1345 (12.5%)、尤比列 (7.81%)、黑河 51 (L) (6.25%)、蓑衣岭 (4.69%)、克山白眉 (4.30%)、克山四粒荚 (3.91%)、四粒黄 (3.71%)、金元 (3.71%)、黑河野生豆 3-A (3.13%)、黑交 75-861 (3.13%)、黑龙江 41 (3.13%)、长叶 1 号 (3.13%), 广泛的遗传基础为黑科 56 号的高产稳产、优质、抗逆、超强广适奠定遗传基础。

关键词: 黑科 56 号; 选育; 遗传组成

Breeding and Genetic Composition of Extremely Early Maturity and Super Adaptability Soybean Variety Heike 56

HAN De-zhi

(Heihe Branch of Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences, Heihe 164300)

Abstract: The soybean variety Heike 56 was selected from the offspring of the hybrids of Heihe 33 (female parent) and Heihe 34 (male parent) in Heihe Branch of Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences through sexual hybridization and genealogy. In the adaptive cultivation zone, this variety would take 105 to 110 days from seedling emergence to maturity, with the effective accumulated temperature ($\geq 10^{\circ}\text{C}$) of 2030 to 2100 $^{\circ}\text{C}$. This variety shows the following phenotypic characters: sublimited pod habit, plant height 69.6 to 75.0 cm, branched, white flowers, pointed leaves, gray fuzz, pod sickle shape, brown when mature; round seeds, yellow seed coat, light yellow seed hilum, shiny, 100-seed weight 16.5 to 19.0g; protein content 38.80% to 43.05%, and fat content 18.18% to 19.69% (mean value of 5 years datasets); resistance against gray spot disease (grade 2, R), and moderate resistance against viral disease (grade 3, MR). It is qualified to be cultivated in the lower limit of the

收稿日期: 2021-12-31 修回日期: 2022-03-25 网络出版日期: 2022-05-10

URL: <https://doi.org/10.13430/j.cnki.jpgr.20211231003>

第一作者从事早熟大豆选育及种质创新, E-mail: handezhi2008@163.com

基金项目: 国家重点研发计划中欧国际合作项目 (2019YFE0105900); 黑龙江省自然科学基金联合引导项目 (LH2021C090); 黑龙江省省属科研院所科研业务费项目 (CZKYF2021-2-C019); 国家大豆产业技术体系资金资助项目 (CARS-04-05B); 黑龙江省“揭榜挂帅”科技攻关 (2021ZXJ05B011); 黑龙江省农业科学院院级科研项目 (TGY-2021-08)

Foundation projects: National Key Research and Development Program of China Europe International Cooperation Project (2019YFE0105900); Natural Science Foundation Joint Guide Project of Heilongjiang Province (LH2021C090); Scientific Research Funds of Heilongjiang Provincial Scientific Research Institutes (CZKYF2021-2-C019); National Soybean Industry Technology System Fund Project (CARS-04-05B); “Opening The List” in Charge of The Science and Technology Project of Heilongjiang Province (2021ZXJ05B011); College level Scientific Research Project of Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences (TGY-2021-08)

fifth temperate zone and the upper limit of the sixth temperate zone in Heilongjiang province. Through pedigree analysis, its cytoplasmic components was derived from Keshan Baimei, through 9 transmission processes in 12 rounds of breeding from the 3rd to the 12th (Keshan Baimei → Zihua 4 → Harvest 1 → Heihe 54 → Heihe 4 → Heijiao 7710 → Heihe 9 → Heihe 18 → Heihe 33 → Heike 56). Its nuclear genetic components might be traced back to 14 ancestral parents (two excellent foreign germplasms, seven backbone local varieties from northeast China, four locally breeding lines, and one wild soybean germplasm), with the contribution rates: Bei 92-28 (25.00%), Shi Sheng Changye (15.63%), Heijiao 83-1345 (12.50%), Yubilei (7.81%), Heihe 51 (L) (6.25%), Suoyiling (4.69%), Keshan Baimei (4.30%), Keshan Silijia (3.91%), Silihuang (3.71%), Jinyuan (3.71%), Heihe Glycine Soja 3-A (3.13%), Heijiao 75-861 (3.13%), Heilongjiang 41 (3.13%), Changye 1 (3.13%). Collectively, the abundant genetic diversity of Heike 56 has laid the genetic foundation for the high and stable yield, high quality, strong stress resistance and super-wide adaptability.

Key words: Heike 56; breeding; genetic composition

大豆 (*Glycine max* L.) 是原产于我国的重要油料经济作物,也是人们日常生活中重要的植物蛋白来源^[1]。因受口粮耕地面积限制,大豆种植面积无法继续扩大,提高单产或增加进口依然是满足国内需求的重要途径。大豆富含异黄酮及维生素 E 等多种有益于人体健康的营养成分,豆制品的加工与食用技术在我国传统的饮食文化中占有重要地位^[2]。现阶段,提高大豆产量、品质和抗逆性依然是大豆育种的重要目标。

我国大豆种质资源数量最多,类型最丰富,对世界大豆的发展做出了巨大贡献^[3]。我国大豆资源以地方品种为主,地方品种具有良好的环境适应性,但综合性状相对较差,目前育种中很少直接利用地方品种作为亲本,因此,创制优异中间种质资源尤为迫切。育种家在选育新品种的同时,要注重把某些具有突出特点的品系保留并在后续育种中加以利用^[4]。东北地区大豆育成品种的遗传基础相对狭窄,其中满仓金,紫花 4 号,丰地黄,元宝金,荆山朴,铁荚四粒黄,克山四粒黄,金元 1 号,十胜长叶和黄宝珠 10 个祖先品种对东北大豆品种的遗传总贡献率 57.7%,因满仓金、元宝金是金元 × 黄宝珠的后代,荆山朴是由满仓金系选而来,因此,金元和黄宝珠贡献了东北大豆育成品种 28.7% 的遗传基础^[5]。盖钧镒等^[6]对东北 330 个育成品种进行系谱分析,细胞核遗传贡献大于 1% 的祖先亲本除东北的金元、四粒黄、白眉、嘟噜豆、铁荚四粒黄、克山四粒荚、熊岳小黄豆、铁荚子、吉林小金黄,还有日本的十胜长叶、美国的 Amsoy,其他还有铜山天鹅蛋、A295、Mamotan、Clark63、Beeson、Wilkin、黑龙江 41 等。对细胞质遗传进行分析,贡献率大于 1% 的祖先亲本仅有金元、四粒黄、白眉、嘟噜豆、铁荚子、辽宁小

金黄、吉林小金黄等 7 个,再次证明东北大豆育成品种遗传基础相对狭窄。熊冬金等^[7]对 1923-2005 年间育成的 1300 个大豆品种追溯到 670 个祖先亲本,其中地方品种占 51.49%、育种品系占 38.24%、改良品种占 6.99%、野生大豆占 2.53%、类型不详占 0.74%,可见祖先亲本中地方品种和育成品种对品种育成的贡献最大。张军等^[8-9]利用 64 个 SSR 标记对东北 169 份大豆育成品种的遗传变异进行分析,结果表明黑龙江品种比吉林、辽宁品种遗传基础相对要广些,启示在新品种选育中应加强育成品种的交流、增加优异等位基因渗透,从而拓宽品种的遗传基础。其后续研究又将中国大豆育成品种群体分成 7 类血缘,并指出育成品种与地方品种、野生大豆相比遗传基础相对狭窄。面对遗传基础狭窄的瓶颈问题,黑龙江乃至东北大豆育种工作者不断探索,利用引进优异种质拓宽遗传基础,但改善并不明显。随着大豆种植带的北移,黑龙江北部大豆品种类型同质化非常严重。为了达到快速选育品种的目的,配置组合多数采用优 × 优模式,如品种 (品系) × 品种 (品系) 快进式组合,进一步造成黑龙江北部大豆遗传基础极度狭窄的现状,问题亟待解决。

黑龙江北部大豆生产主要问题是单产低,极早熟大豆高产与高蛋白矛盾突出,且大豆种植比较效益低,市场竞争力弱,严重制约了大豆产业发展。培育突破性品种是解决这一问题最简单有效的方法^[10]。黑河分院早熟育成团队针对这一突出矛盾,选育优异品种应用生产的同时,不断加强 (超、极) 早熟大豆种质创新工作,拓宽育种亲本交流来源,积极引进国外优异种质,通过有性杂交、辐射诱变处理,突破常规选育方法。采用低世代按照生育期分组混选,跟踪群体品质,高世代大量决选单株跟踪品

质,以产量、品质综合筛选,成功选育出目标性状突出的大豆新品种黑科 56 号。该品种极早熟、抗逆性强、籽粒圆黄、商品性好,符合国内规模化食品加工企业需求,解决了极早熟高产与品质兼顾的矛盾,同时解析了该品种的遗传基础,为今后开展极早熟、高产稳产、优质、抗逆、超强适应性的大豆新品种选育提供理论与实践基础。

1 材料与方法

1.1 试验材料

1.1.1 母本 母本黑河 33 号为黑河分院育成品种,高产、稳产、广适应性,抗病,该品种为亚有限结荚习性,株高 80.00 cm,株型较好;紫花、尖叶、茸毛灰色;荚褐色、籽粒椭圆、有光泽,百粒重 20.00 g;底荚部位较高,利于机械化收获;品质较好,蛋白含量 39.53%、脂肪含量 20.70%;需 ≥ 10 °C 活动积温 1900 °C 左右^[11]。

1.1.2 父本 父本黑河 34 号为黑河分院育成品种,极早熟、高蛋白,该品种亚有限结荚习性,株高 70.0 cm,主茎型,多三、四粒荚,株型收敛,适宜机械化作业。籽粒圆黄均匀,百粒重 20 g。蛋白质含量 46.6%,脂肪含量 18.7%。生育日数 95 d 左右,需活动积温 1800 °C^[12]。

1.2 试验方法

1.2.1 试验设计 (1)选种圃设计:杂交圃采用顺序排列间隔种植,父母本行长 5.00 m,行距 0.60 m,株距 0.10 m; F_1 ~ F_4 去伪杂种后按照 3 组生育期分别混合种植,跟踪群体品质,行长 4.00 m,行距 0.60 m,株距 0.10 m,按生育期分组决选单株,单株跟踪品种; F_5 种植株系,决选品系,行长 5.00 m,行距 0.60 m,株距 0.10 m。

(2)品比试验:采用随机区组设计,3 次重复,4 行区,行长 5.00 m,垄距 0.60 m;省、国家区域试验采用 2 年多点随机区组设计,重复 3 次,4 行区,行长 10.00 m,垄距 0.65 m;生产试验采用 1 年多点大区对比法,10 行区,行长 40.00 m(小区面积 >200 m²)^[13]。

1.2.2 选育过程 于 2005 年 5 月至 2014 年 12 月在黑龙江省农业科学院黑河分院育种基地和南繁育种基地进行选育及试验,历时 9 年完成黑河 56 号选育工作。

2005 年以黑河 33 号为母本、黑河 34 号为父本进行人工杂交,获得杂交种子(F_0)30 粒。当年南繁淘汰伪杂种获得(F_1)单株 24 株,2006 年(F_2)根据生育期早熟、极早、超早熟分成 3 组混合摘荚,同

年并进行南繁加代(F_3 -1、 F_3 -2、 F_3 -3),2007 年(F_4)-2009 年(F_6)按系谱法进行各生育期高产、高蛋白定向选择,2009 年在极早熟组中决选出高产、蛋白含量相对较高稳定品系黑交 09-2145;2010-2011 年进行产量鉴定及品种比较试验;2012-2014 年参加黑龙江省第六积温带极早熟区区域试验,2014 年参加黑龙江省第六积温带极早熟区生产试验,2014 年 12 月 20 日黑龙江省大豆专业委员会 16 人表决,全票通过,审定编号:黑审豆 2015019;2017-2018 年参加国家北方春大豆极早熟组区域试验,2019 年参加国家北方春大豆极早熟组生产试验,2019 年 10 月通过国家农作物品种审定委员会审定,国审编号:国审豆 20190004。

1.2.3 品质测定 选育阶段各世代品质采用近红外谷物分析仪(波通 DA7200)检测;参试试验过程中委托农业农村部谷物及制品质量监督检验测试中心(哈尔滨)进行权威检测。脂肪采用 NY/T 3-1982 方法检测,蛋白采用 NY/T4-1982 方法检测。

1.2.4 灰斑病、病毒病鉴定 灰斑病:人工接种大豆灰斑病菌 1 号和 7 号混合生理小种,病情级别:0、1、2、3、4 级。将病斑数量的级别数与病斑种类的权重系数相乘,即为加权值。利用加权值来划分抗性。

病毒病:人工接种株系为东北主要流行病毒病 1 号小种(SMV1)、病毒病 3 号小种(SMV3),在防蚜网室内将参试品种分别接种 SMV1 号和 SMV3 号株系。采用菌叶摩擦法接种。调查评价方法:接种 20~30 d 待系统发病后,按 5 级分级标准,调查记录单株发病情况,计算病情指数,进行抗性评价。

采用 WPS 和 SPSS26.0 统计分析软件进行数据统计及分析。

1.2.5 遗传贡献算法 大豆细胞质遗传为母系遗传,祖先母本的细胞质贡献率 100%;核遗传由双亲贡献,其中自然变异系选、辐射诱变系选育成品种的亲本核遗传贡献率 100%,杂交选育品种的核遗传贡献率双亲均占 50%,按均等分配方法下推至亲本,直至祖先亲本。如果亲本无法追踪到系谱,则视为祖先亲本^[14]。

2 结果与分析

2.1 特征特性

综合省审、国审特征特性:黑科 56 号为亚有限结荚习性。株高 69.6~75.0 cm,有分枝,白花,尖叶,灰色茸毛,荚镰刀形,成熟时呈褐色。籽粒圆形,种皮黄色,种脐浅黄色,有光泽,百粒重 16.5~19.0 g。

品质综合平均: 蛋白质含量 38.80%~43.05%, 脂肪含量 18.18%~19.69%。

2.2 参试产量

黑科 56 号经过省、国家两级审定, 参试年限 6 年, 表现出超强适应性, 各试验点增产效果显著, 且表现出超强的稳产性, 为其大面积推广应用奠定基础。

省审增产效果: 2012-2014 年参加黑龙江省品种试验。其中 2012-2014 年 3 年 18 点区试, 平均产量 2150.94 kg/hm², 较对照品种华疆 2 号增产 11.78%, 增产幅度 0.10%~20.30%, 增产试验点比例 100%;

同年 2014 年 6 点次生产试验, 平均产量 2331.30 kg/hm², 较对照品种华疆 2 号增产 18.30%, 增产幅度 10.80%~29.20%, 增产试验点比例 100% (表 1)。

国审增产效果: 2016-2018 年参加国家北方春超早熟组大豆品种试验。其中 2016-2017 年共 19 点次区试, 平均产量 1906.02 kg/hm², 较对照品种华疆 2 号增产 8.64%, 增减幅度 -6.10%~15.30%, 增产试验点比例 94.70%; 2018 年 10 点次生产试验, 平均产量 2066.00 kg/hm², 较对照品种华疆 2 号增产 8.16%, 增减幅度 -6.20%~19.80%, 增产试验点比例 90.00% (表 2), 试验个别年份减产均是极端灾害天气造成。

表 1 黑科 56 号省审区域与生产试验产量结果

Table 1 Yield results of heike 56 province approved area and production test

编号 Number	试验地点 Test place	区域试验 Regional testing						生产试验 Production test	
		2012		2013		2014		2014	
		产量 (kg/hm ²)	增产 (%)	产量 (kg/hm ²)	增产 (%)	产量 (kg/hm ²)	增产 (%)	产量 (kg/hm ²)	增产 (%)
		Yield	Output	Yield	Output	Yield	Output	Yield	Output
1	爱辉区种畜场	2143.30	14.68	1157.00	15.70	1885.00	19.80	1889.40	18.70
2	大兴安岭农林科学院	2161.00	0.10	1814.20	14.60	1808.60	14.60	2130.10	20.50
3	大兴安岭试验站	2192.80	10.20	1915.40	11.40	2046.20	10.10	2055.30	10.80
4	建边农场试验站	2787.90	1.10	2543.30	5.40	2792.20	7.90	2658.10	29.20
5	龙门农场试验站	2461.50	20.30	1307.70	17.30	1833.30	13.50	2343.80	15.90
6	襄河农场试验站	2573.50	11.10	2316.20	8.60	2977.90	15.70	2911.10	14.70
7	平均	2386.67	9.58	1842.30	12.17	2223.87	13.60	2331.30	18.30
8	3 年区域试验 18 点次平均					2150.94	11.78		

各验点对照品种均为华疆 2 号, 下同

The control varieties at each test point were all Huajiang 2, the same as below

表 2 黑科 56 号国审区域与生产试验产量结果

Table 2 Yield results of national audit area and production test in Heike 56

编号 Number	试验地点 Test place	区域试验 Regional testing				生产试验 Production test	
		2016		2017		2018	
		产量 (kg/hm ²)	增产 (%)	产量 (kg/hm ²)	增产 (%)	产量 (kg/hm ²)	增产 (%)
		Yield	Increase output	Yield	Increase output	Yield	Increase output
1	龙门	1907.90	15.30	1795.41	2.40	2269.39	12.40
2	岭南	1540.42	8.50	1900.40	8.60	1457.93	8.10
3	襄河	2453.88	6.70	1859.91	6.50	—	—
4	加格达奇	919.45	-6.10	1769.91	10.60	1318.43	5.10
5	建边	1766.91	12.80	2833.36	10.40	2561.87	9.40
6	陡沟子	1199.94	9.60	1832.91	16.10	1760.91	11.50
7	呼玛	2113.39	2.60	3166.34	10.50	2032.40	23.30
8	牙克石	1199.94	2.90	2573.87	14.40	2285.89	5.00

表 2(续)

编号 Number	试验地点 Test place	区域试验 Regional testing				生产试验 Production test	
		2016		2017		2018	
		产量 (kg/hm ²)	增产 (%)	产量 (kg/hm ²)	增产 (%)	产量 (kg/hm ²)	增产 (%)
		Yield	Increase output	Yield	Increase output	Yield	Increase output
9	欧肯河	1043.95	9.80	—	—	2285.89	5.00
10	大杨树	—	—	1783.41	9.60	2230.39	-6.20
11	孙吴县	—	—	2887.36	14.60	2456.88	8.00
12	平均	1571.75	6.90	2240.29	10.37	2066.00	8.16
13	2 年区域试验 19 点次平均			1906.02	8.64		

— 表示无数据
— Indicates that there is no data

2.3 抗病鉴定结果

黑科 56 号经过省、国家两级审定,经过 6 年连续灰斑病、病毒病人工鉴定,综合两级鉴定结果(表 3),确定黑科 56 号灰斑病为 2 级,抗(R);病毒病为 3 级,中抗(R);且经过多年不同权威鉴定单位鉴定抗性稳定,黑科 56 号稳定的抗病性为广适应性奠定了抗病遗传基础。

2.4 品质分析结果

黑科 56 号经过省、国家两级审定,经农业农

村部谷物及制品质量监督检验测试中心(哈尔滨、吉林)连续检测,蛋白质平均含量变异范围 38.80%~43.05%,平均值 40.64%,脂肪平均含量变异范围 18.18%~19.69%,平均值 18.77%(表 4)。不同年份之间蛋白质变异系数最大,脂肪变异系数最小,这一规律符合大豆蛋白含量受年份影响较大,脂肪含量相对较稳定的规律。黑科 56 表现出相对较高蛋白含量,符合目前北部优质食用需求,为今后产业化应用提供稳定的品质保障。

表 3 黑科 56 号国审、省审综合抗病鉴定结果

Table 3 Results of comprehensive disease resistance identification of Heike 56 national and provincial examination

编号 Number	单位 Affiliation	病害类型 Disease types	指标 Indicators	试验级别 The test level				综合结果 The comprehensive results
				区试 1 年	区试 2 年	生产试验	平均	
				Regional test 1 year	Regional test 2 year	Production test	Mean	
1	黑龙江省农作物 品种审定委员会	灰斑病	叶部发病级	2	3	3	3	R
			病情指数	40.00	41.00	46.00	42.33	
			病荚率	1	2	2	1.67	
			病粒率	0	0	0	0	
			病级	R	MR	MR	MR	
2	国家农作物审定 委员会	灰斑病	加权值	2.00	2.57	2.285	2.29	MR
			病级	R	R	R	R	
		病毒病 1 号	病情指数	32.94	31.54	32.24	32.24	
			病级	MR	MR	MR	MR	
		病毒病 3 号	病情指数	49.00	35.56	42.28	42.28	
			病级	MS	MR	MR	MR	

R: 抗; MR: 中抗; MS: 中感
R: Resistance; MR: Moderate resistance; MS: Moderate sensitivity

表 4 黑科 56 号 3 年品质鉴定结果
Table 4 The three-year quality identification results of Heke 56

编号 Number	项目 Project	黑龙江审定 Heilongjiang approval			国家审定 National certification		平均值 ± 标准差 Mean ± standard deviation	变异范围 Variation range	变异系数 Coefficient of variation
		2012	2013	2014	2016	2017			
1	蛋白质含量(%)	40.44	40.80	43.05	40.13	38.80	40.64 ± 1.54	38.80~43.05	0.04
2	脂肪含量(%)	18.68	18.82	18.18	18.48	19.69	18.77 ± 0.57	18.18~19.69	0.03
3	蛋脂含量总和(%)	59.12	59.62	61.23	58.61	58.49	59.41 ± 1.11	58.49~59.12	0.02

2.5 品种适应性

出苗至成熟生育日数 105~110 d,需≥10 ℃活动积温 2030~2100 ℃左右。适宜北方春大豆超早熟 A 组华疆 2 组生态区种植,包括黑龙江省第五积温带下限、第六积温带上限、吉林山区及内蒙古兴安盟中部地区,种植范围较广泛。参试 6 年中,各试验点表现出超强的适应性及稳产增产潜力,兼抗北方春大豆产区主流病害灰斑病和病毒病;品质受不同年份环境影响相对较小,具有稳定遗传的品质特点。黑科 56 号属于高产、稳产、抗逆性强、超强广适应性大豆品种。

2.6 系谱图的建立及分析

黑科 56 号是以黑河 33 号为母本,黑河 34 号为父本有性杂交系谱法选育。依次追溯其亲本的系谱,完成黑科 56 号遗传系谱图的建立(图 1)^[15-20]。通过遗传系谱解析,黑科 56 号历经 12 轮梯度育种,12 轮育种中经历 3 次自然变异系选,2 次辐射育种,24 次有性杂交育种。因此,黑科 56 号是以有性杂交为主,自然变异与辐射处理相结合系统选育而成的。通过黑科 56 号系谱分析发现,每轮育种与每份种质资源的合理利用同等重要,因此,也印证了常规育种是一个复杂系统工程,需要几代人坚持不懈的进行种质创新,完成种质资源创新接力式传递。

2.6.1 核遗传贡献分析 分析遗传系谱,黑科 56 号追溯到 14 份祖先亲本。通过核遗传双亲贡献算法^[21-27],得出 14 份祖先亲本核遗传贡献率(图 2B),从高到低依次:北 92-28(25.00%)、十胜长叶(15.63%)、黑交 83-1345(12.50%)、尤比列(7.81%)、黑河 51(L)(6.25%)、蓑衣岭(4.69%)、克山白眉(4.30%)、克山四粒荚(3.91%)、四粒黄(3.71%)、金元(3.71%)、黑河野生豆 3-A(3.13%)、黑交 75-861(3.13%)、黑龙江 41(3.13%)、长叶 1 号(3.13%)。分析各梯度育种中祖先亲本应用及累计核遗传贡献率,因北 92-28 无法追溯到系谱,且在育种第 10 轮次,距离黑科 56 号遗传关系较近,一次应

用其核遗传贡献率高达 25.00%^[12]。除北 92-28 影响外,育种第 7 轮次应用 5 份祖先亲本且累计贡献率高达 18.75%,应用祖先亲本分别是:黑河野生豆 3-A(野生)、十胜长叶(日本)、长叶 1 号(地方)、黑交 75-861(品系)、黑河 51(L)(品系),该轮育种引入国外优异种质和野生豆为黑科 56 号遗传基础拓宽发挥重要作用。

通过遗传系谱(图 2A),统计祖先亲本应用 2 次以上,从高到低依次为:四粒黄(8 次)、金元(8 次)、克山白眉(7 次)、尤比列(4 次)、克山四粒荚(4 次)、蓑衣岭(3 次)、十胜长叶(2 次),其中国外优异种质资源尤比列、十胜长叶累计遗传贡献率高达 23.44%,国外优异种质的利用,或同一种质多次利用,丰富了黑河号品种的遗传血缘。综上所述,黑科 56 号具有丰富的遗传基础,其核基因主要来自 2 份国外优异种质,7 份东北地区的骨干地方品种,4 份地方育成品系,1 份野生大豆。广泛的遗传基础为黑科 56 号的高产稳产、优质、抗逆、超强广适性奠定遗传基础。

2.6.2 细胞质遗传 克山白眉是黑龙江大豆育种利用最多的农家基础品种,育成品种中大部分含有克山白眉的血缘^[22]。紫花四号、蓑衣领、克山四粒荚是黑龙江省中北部大豆品种的祖先之一^[18, 23-24]。黑科 56 号细胞质基因来源于克山白眉,通过克山白眉→紫花四号→丰收 1 号→黑河 54→黑河 4 号→黑交 7710→黑河 9 号→黑河 18→黑河 33 号→黑科 56 号完成细胞质 100% 遗传传递(图 3)。黑科 56 号细胞质基因从育种第 3 轮到育种 12 轮共经历了 9 个传递过程,克山白眉细胞质基因从地方品种传递至克山所选育的“丰收系列”品种,又从丰收系列品种传递到黑河所选育的“黑河系列”品种。克山白眉地方品种良好的广适性成功传递给黑科 56 号。由于有性杂交过程中无法改变母本细胞质遗传组成,因此,细胞质遗传物质也可成为作物资源分类的重要依据^[25]。

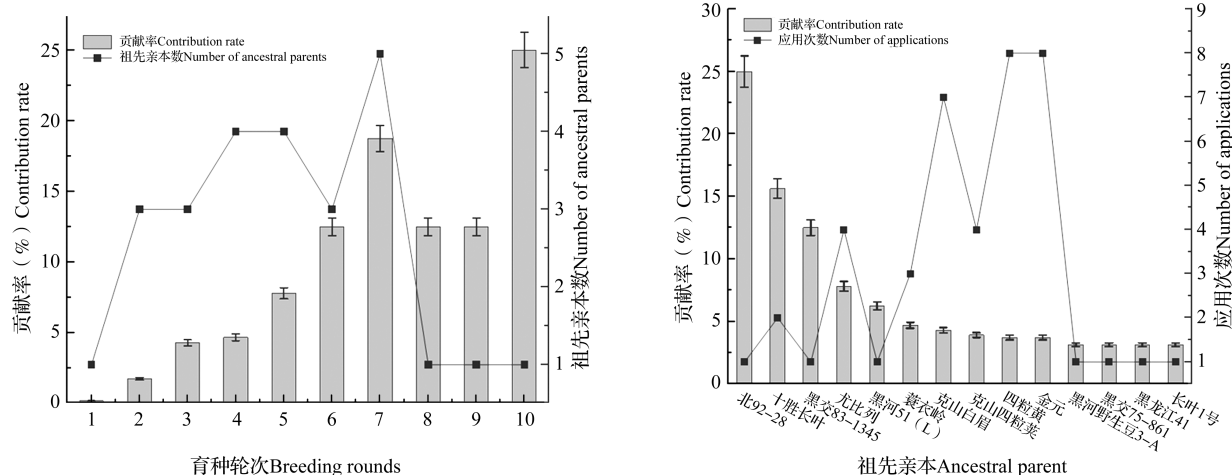


图2 黑科 56 号各育种轮次和祖先亲本应用及累计核遗传贡献率分析

Fig.2 Application of Heike 56 breeding rounds and ancestral parents and analysis of cumulative nuclear genetic contribution rate

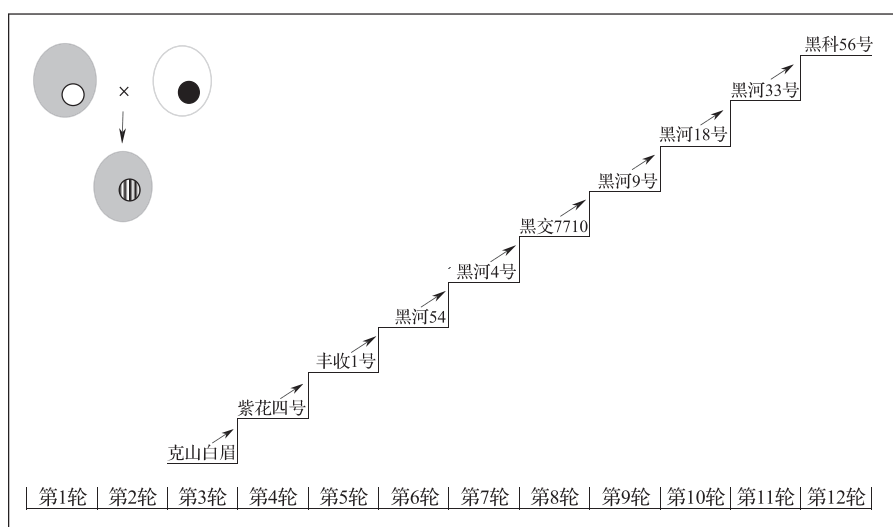


图3 黑科 56 号细胞质传递

Fig.3 Cytoplasmic transmission of Heike 56 of Melanidae

3 讨论

3.1 遗传基础解析

品种选育中系谱分析对科学指导育种工作具有重要的参考价值,可有效阐明作物资源遗传基础,挖掘品种性状的演变和品种更替演变规律,总结育种中亲本的选配机制^[26]。黑科 56 号成功选育,关键是亲本的选择,选育者选择母本黑河 33 号与父本黑河 34 号时,是根据其双亲的系谱来源,黑河 33 号具有克山白眉的纯正细胞质来源,奠定了黑科 56 号的品质及生态适应性遗传基础。大豆育种中细胞核贡献受到广泛的关注,细胞质贡献尚鲜见讨论。现有研究表明,大豆各世代种胚蛋白质含量存在细胞质遗传效应,包括细胞质遗传与细胞核遗传互作^[6]。后续研究应进一步明确各种性状细胞质遗传效

应,以便充分发挥母本的细胞质遗传贡献。细胞质遗传对于培育本地广适应性品种具有重要意义。

通过分析核遗传系谱发现,双亲系谱中均含有国外优异资源优比列、十胜长叶,为丰富品种血缘,拓宽遗传奠定基础。双亲还聚合农家品种、地方品种(系)、野生豆等优异基因源,经过几代育种者努力,利用系选、杂交、辐射诱变处理等技术将优异等位变异聚合于双亲,为黑科 56 号成功选育奠定基础。同时双亲均有辐射处理的遗传背景,进一步增加有效变异,拓宽了黑科 56 号的遗传基础。黑科 56 号的母本黑河 33 号系谱中含有黑河骨干亲本之一黑河 18,其具有高产、稳产、优质、广适应性等特点,通过人工选育剔除了黑河 18 炸荚的不利基因。父本系谱中骨干亲本之一黑交 83-889 也是黑河号大豆品种选育的优异核心骨干亲本之一,如国内种

植面积最大的大豆品种黑河 43 号也含有黑交 83-889 血缘,目前黑河 43 号累计推广面积突破 1 亿亩。大部分黑河号品种均含有黑交 83-889 血缘,其是黑河分院创制的优异中间资源的典型代表,具有地方农家品种基础,渗透累加了俄、日等优异品种血缘,具有丰产、稳产、抗逆性强等特点。综上所述,品种的选育是系统复杂长期工程,是几代人为了一个共同目标进行的资源创新传递、再利用再创新的过程。每一轮育种及祖先亲本贡献率有高低之分,但每一轮育种同等重要,每一份资源利用同等重要,不可或缺。

3.2 遗传基础狭窄解析

20 世纪 50 年代,黑龙江大豆以农家品种选、提纯复壮为主导,此时有一定推广面积的农家品种有 65 个,占应用品种的 81.5%^[27]。黑龙江省大豆品种遗传组成相近,特别是同一单位选育的品种相似系数较高,说明黑龙江主栽大豆品种遗传基础狭窄,遗传多样性差^[28]。林春雨等^[29]利用 187 对 SSR 引物对 202 个黑龙江省主栽大豆品种遗传相似度进行分析,遗传相似系数为 0.283~0.930,平均值为 0.519,同一单位育成品种具有较高遗传相似性。造成遗传狭窄的原因归结为 4 个方面。一是采用的亲本仅局限于少数几个资源或其衍生材料,个别组合存在姊妹系同时育成品种。二是省内育种单位交流相对较多,国外材料引进利用较少。目前省内骨干亲本含有十胜长叶、Harosoy、优比列等国外血缘,但利用年限久远,近些年通过引进国外远缘材料直接选育的品种极少。三是育种单位野生大豆资源开发利用有限,创制优异中级材料的工作开展较少。野生大豆很难直接利用育成品种,导致很多野生优异基因源无法利用。四是育种技术相对落后保守,分子辅助选择应用较少,定向改良技术不成体系。因此,拓宽遗传需要明确遗传基础,针对性引进优异资源加以利用,积极开展多种技术系统融合,协同创制具有突破性新种质。

针对大豆遗传资源基因狭窄问题,各育种单位开展了系统引种和鉴定工作,通过杂交育种、辐射育种等方法选育了众多的优良大豆品种和品系,这些优异资源为遗传基础拓宽奠定基础。70-90 年代期间的育成品种在生态性状方面不断进步,表现出成熟期合理、丰产性提高、抗病虫能力增强、品质和产量关系趋向协调。现阶段黑龙江北部大豆遗传基础狭窄问题未得到有效解决。公益性科研育种单位要不断进行科研攻关,研究方法依然是传统杂交育种,

辅助采用辐射处理、化学诱变、航天诱变等。未来随着现代生物技术及生物信息高速发展,大豆育种将进入快速多元发展阶段,资源利用将不断扩大地域区域,远缘杂交、杂交大豆、细胞融合、分子标记辅助选择将逐步推广,全基因组选择逐渐成熟,转基因及基因编辑技术在未来定向遗传改良方面将发挥巨大作用,遗传基础狭窄问题将得到有效解决。

参考文献

- [1] 王金陵,杨庆凯,吴宗璞. 中国东北大豆. 哈尔滨:黑龙江科学技术出版社,1999:14
Wang J L, Yang Q K, Wu Z P. Soybean from northeast China. Harbin: Heilongjiang Science and Technology Press, 1999: 14
- [2] 刘丽君. 中国东北优质大豆. 哈尔滨:黑龙江科学技术出版社,2007:3
Liu L J. Quality soybean from Northeast China. Harbin: Heilongjiang Science and Technology Press, 2007: 3
- [3] 常汝镇. 国内外大豆遗传资源的搜集、研究和利用. 大豆科学, 1989, 8(1): 87-96
Chang R Z. Collection research and utilization of soybean genetic resources at home and abroad. Soybean Science, 1989, 8(1): 87-96
- [4] 常汝镇,孙建英,邱丽娟. 中国大豆种质资源研究进展. 作物杂志, 1998(3): 7-9
Chang R Z, Sun J Y, Qiu L J. Research progress of soybean germplasm resources in China. Crops, 1998(3): 7-9
- [5] 孙志强,田佩占,王继安. 东北地区大豆品种血缘组成分析. 大豆科学, 1990, 9(2): 112-120
Sun Z Q, Tian P Z, Wang J A. Analysis on genetic composition of soybean varieties in northeast China. Soybean science, 1990, 9(2): 112-120
- [6] 盖钧镒,赵团结,崔章林,邱家驹. 中国大豆育成品种中不同地理来源种质的遗传贡献. 中国农业科学, 1998, 31(5): 35-43
Gai J Y, Zhao T J, Cui Z L, Qiu J X. Genetic contribution of germplasm from different geographical origins in soybean cultivars in China. Scientia Agricultura Sinica, 1998, 31(5): 35-43
- [7] 熊冬金,赵团结,盖钧镒. 中国大豆育成品种亲本分析. 中国农业科学, 2008, 41(9): 2589-2598
Xiong D J, Zhao T J, Gai J Y. Parental analysis of soybean cultivars in China. Scientia Agricultura Sinica, 2008, 41(9): 2589-2598
- [8] 张军,赵团结,盖钧镒. 中国东北大豆育成品种遗传多样性和群体遗传结构分析. 作物学报, 2008, 34(9): 1529-1536
Zhang J, Zhao T J, Gai J Y. Genetic diversity and population genetic structure of soybean cultivars in northeast China. Acta Agronomica Sinica, 2008, 34(9): 1529-1536
- [9] 张军,赵团结,盖钧镒. 中国大豆育成品种群体遗传结构分化和亚群特异性分析. 中国农业科学, 2009, 42(6): 1901-1910
Zhang J, Zhao T J, Gai J Y. Genetic structure differentiation and subgroup specificity analysis of soybean breeding varieties in China. Scientia Agricultura Sinica, 2009, 42(6): 1901-1910
- [10] 韩德志,房树彬,张伟力,王元林,刘祥军,闫洪睿,张雷,鹿文成,梁吉利,贾鸿昌. 黑龙江北部高寒区早熟大豆科技创新现

- 状与对策. 中国种业, 2016(11): 24-25
- Han D Z, Fang S B, Zhang W L, Wang Y L, Liu X J, Yan H R, Zhang L, Lu W C, Liang J L, Jia H C. Science and technology innovation status and countermeasures of early maturity soybean in northern Alpine region of Heilongjiang province. China Seed Industry, 2016(11): 24-2
- [11] 李红鹏. 大豆新品种黑河 33 号的特性及栽培技术. 大豆通报, 2006, 81(2): 26-27
- Li H P. Characteristics and cultivation techniques of a new soybean variety Heihe 33. Soybean Science & Technology, 2006, 81(2): 26-27
- [12] 薛津. 2004 年黑龙江省审定推广的大豆新品种. 大豆科学, 2004, 23(2): 155-158
- Xue J. New soybean varieties approved and promoted in Heilongjiang province in 2004. Soybean Science, 2004, 23(2): 155-158
- [13] 韩德志, 闫洪睿, 张雷, 鹿文成, 梁吉利, 闫晓飞, 贾鸿昌. 超早熟芽豆新品种黑科 77 号的选育及应用. 大豆科学, 2021, 40(2): 279-284
- Han D Z, Yan H R, Zhang L, Lu W C, Liang J L, Yan X F, Jia H C. Breeding and application of new super early maturing bud soybean variety Heike 77. Soybean Science, 2021, 40(2): 279-284
- [14] 宗春美, 任海洋, 潘相文, 王燕平, 孙霞, 李文, 杜维广, 刘宝辉. 高脂肪高产大豆品种东生 79 的选育及系谱分析. 大豆科学, 2020, 39(1): 39-44
- Zong C M, Ren H X, Pan X W, Wang Y P, Sun X, Li W, Du W G, Liu B H. Selection and pedigree analysis of high-oil and high-yield soybean variety Dongsheng 79. Soybean science, 2020, 39(1): 39-44
- [15] 胡喜平. 合丰号大豆品种系谱分析. 大豆科学, 2002, 21(2): 131-137
- Hu X P. Analysis of family tree of Hefeng series of soybean varieties. Soybean Science, 2002, 21(2): 131-137
- [16] 刘发, 闫洪睿, 张雷, 鹿文成, 梁吉利, 贾洪昌, 刘英华, 韩德志. 早熟春大豆品种黑河 43 大面积久推不衰原因解析. 大豆科学, 2018, 37(5): 817-819
- Liu F, Yan H R, Zhang L, Lu W C, Liang J L, Jia H C, Lui Y H, Han D Z. Analysis of long term promotion of the early maturing spring soybean variety Heihe 43. Soybean Science, 2018, 37(5): 817-819
- [17] 韩德志, 任玉龙, 郭勇, 闫洪睿, 张雷, 鹿文成, 邱丽娟. 大豆炸荚发生规律及分子遗传基础. 遗传, 2015, 37(6): 535-543
- Han D Z, Ren Y L, Guo Y, Yan H R, Zhang L, Lu W C, Qiu L J. Occurrence characteristics and molecular genetic basis of pod shattering in soybean. Hereditas, 2015, 37(6): 535-543
- [18] 盖钧镒, 熊冬金, 赵团结. 中国大豆育成品种系谱与种质基础(1923-2005). 北京: 中国农业出版社, 2015: 3
- Gai J Y, Xiong D J, Zhao T J. Pedigree and germplasm basis of soybean varieties in China (1923-2005). Beijing: China Agriculture Press, 2015: 3
- [19] 郭美玲, 郭泰, 王志新, 郑伟, 李灿东, 赵海红, 张振宇, 徐杰飞. 大豆新品种合农 76 特性与亲本系谱分析. 种子, 2020, 39(11): 110-115, 122
- Guo M L, Guo T, Wang Z X, Zheng W, Li C D, Zhao H H, Zhang Z Y, Xu J F. Characteristics and pedigree analysis of new soybean variety Hemong 76. Seed, 2020, 39(11): 110-115, 122
- [20] 宋豫红, 徐玉花, 单立民, 宋来成, 孟德君. 黑龙江省北安所大豆育种回顾与展望. 大豆通报, 2005, 81(5): 9-10, 16
- Song Y H, Xu Y H, Shan L M, Song L C, Meng D J. Review and prospect of soybean breeding in Bei'an institute of Heilongjiang province. Soybean Science & Technology, 2005, 81(5): 9-10, 16
- [21] 赵团结, 崔章林, 盖钧镒. 中国大豆育成品种中江苏种质 58-161 的遗传贡献. 大豆科学, 1998, 17(2): 120-128
- Zhao T J, Cui Z L, Gai J Y. Genetic contribution of Jiangsu germplasm 58-161 in Chinese soybean cultivars. Soybean science, 1998, 17(2): 120-128
- [22] 盖钧镒, 赵团结. 中国大豆育种的核心祖先亲本分析. 南京农业大学学报, 2001, 24(2): 20-23
- Gai J Y, Zhao T J. Analysis of the core ancestor parent of soybean breeding in China. Journal of Nanjing Agricultural University, 2001, 24(2): 20-23
- [23] 赫世涛, 牛若超. 克山大豆种质及其利用研究. 作物品种资源, 1997(2): 1-4
- He S T, Niu R C. Germplasm and utilization of Keshan soybean. Crop Variety Resources, 1997(2): 1-4
- [24] 韩德志. 黑河 43 号遗传背景分析. 中国种业, 2014(9): 60-61
- Han D Z. Genetic background analysis of Heihe 43. China Seed Industry, 2014(9): 60-61
- [25] 吴纪安. 黑河 38 号大豆品种的选育和遗传组成. 植物遗传资源学报, 2007, 8(3): 313-316
- Wu J A. Selection and genetic composition of soybean variety heihe38. Journal of Plant Genetic Resources, 2007, 8(3): 313-316
- [26] 白艳凤, 王玉莲, 王燕平, 宗春美, 孙晓环, 齐玉鑫, 杜维广, 任海洋, 姜龙, 王晓梅. 大豆 8 号祖先亲本追溯及遗传解析. 植物遗传资源学报, 2015, 16(3): 485-489
- Bai Y F, Wang Y L, Wang Y P, Zong C M, Sun X H, Qi Y X, Du W G, Ren H X, Jiang L, Wang X M. Ancestors tracking and genetic dissection for released soybean cultivar Mudou No. 8. Journal of Plant Genetic Resources, 2015, 16(3): 485-489
- [27] 崔章林, 盖钧镒, Thomas E. 中国大豆育成品种及其系谱分析(1923-1995). 北京: 中国农业出版社, 1998: 23-39
- Cui Z L, Gai J Y, Thomas E. Analysis of Chinese soybean cultivars and their pedigrees (1923-1995). Beijing: China Agriculture Press, 1998: 23-39
- [28] 高运来, 姚丙晨, 刘春燕, 李文福, 蒋洪蔚, 李灿东, 张闻博, 胡国华, 陈庆山. 黑龙江省主栽大豆品种遗传多样性的 SSR 分析. 植物学报, 2009, 44(5): 556-561
- Gao Y L, Yao B C, Liu C Y, Li W F, Jiang H W, Li C D, Zhang W B, Hu G H, Chen Q S. Genetic diversity analysis by simple sequence repeats of soybean (*Glycine max*) varieties from Heilongjiang. Chinese Bulletin of Botany, 2009, 44(5): 556-561
- [29] 林春雨, 梁晓宇, 赵慧艳, 王洋. 黑龙江省主栽大豆品种遗传多样性和群体结构分析. 作物杂志, 2019(2): 78-83
- Lin C Y, Liang X Y, Zhao H Y, Wang Y. Analysis of genetic diversity and population structure of main soybean varieties in Heilongjiang province. Crops, 2019(2): 78-83