

福建菜用大豆审定品种遗传多样性分析和 SSR 标记指纹图谱构建

李清华¹, 颜墩炜¹, 刘雨杭², 陈盈妹², 顾智炜¹, 陈子琳¹, 林海峰¹, 柯庆明¹, 贾琪²

(¹莆田市农业科学研究所, 福建莆田 351106; ²福建农林大学农学院教育部作物遗传与综合利用重点实验室, 福建福州 350002)

摘要: 本研究选用 2003~2022 年通过福建省审定的 22 份菜用大豆品种, 基于 26 个表型性状和 43 对 SSR 分子标记进行遗传多样性分析及分子指纹图谱构建。结果表明, 22 份菜用大豆 7 个质量性状存在 16 种变异类型, 平均多样性指数 H' 为 0.494, 19 个数量性状变异系数变幅为 3.44~50.6%, 平均 H' 为 1.9340, 表明整体具有丰富的表型遗传多样性; 43 对 SSR 分子标记共检测到 204 个位点, 平均多态性比率为 88.72%, 多态信息含量 (PIC) 变幅为 0~0.3729, 平均为 0.2089, 其中 Satt514 引物的 PIC 值最高 (0.3729), 等位基因数 (N_a) 和有效等位基因数 (N_e) 平均值分别为 1.8103 和 1.4374, 平均 Nei's 基因多样性指数 H' 为 0.2623, 平均 Shannon's 多态性信息指数 I 为 0.4016; 22 个品种间的遗传相似系数为 0.4923~1.0000, 平均为 0.7073, 其中沪选 23-9 和毛豆 389 遗传相似系数最大, 兴化豆 618 和闽豆 10 号间遗传相似系数最小; 聚类分析表明, 22 份菜用大豆基于表型性状和分子标记均被划分为 3 类, 闽豆 1 号基于两种方法均被单独划分为 1 类, 表明闽豆 1 号不管在表型性状还是遗传背景上都与其他品种差异较大, 适合作为杂交亲本。综合考虑在染色体上分布均匀、带型清晰、多态性丰富等原则, 筛选 8 对引物 Satt197、Satt268、Satt373、Satt005、Satt431、Satt334、Satt191 和 Satt380, 首次建构 22 份福建省菜用大豆审定品种分子指纹图谱, 利用该引物组合可以区分除毛豆 3 号、沪选 23-9 和毛豆 389 以外的 19 份菜用大豆品种。研究结果为福建省菜用大豆种质资源的高效利用和新品种选育提供了科学依据, 有利于对已审定品种的区分与保护。

关键词: 菜用大豆; 分子标记; 遗传多样性; 指纹图谱

Genetic Diversity Analysis and SSR Markers Fingerprint Construction of Vegetable Soybean Varieties in Fujian Province

LI Qinghua¹, YAN Dunwei¹, LIU Yuhang², CHEN Yingmei², GU Zhiwei¹, CHEN Zilin¹, LIN Haifeng¹, KE

Qingming¹, JIA Qi²

(¹ Putian Institute of Agricultural Sciences, Putian, 351106, Fujian; ² Key Laboratory of Ministry of Education for Genetics, Breeding and Multiple Utilization of Crops, College of Agriculture, Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou, 350002, Fujian)

Abstract: In this study, genetic diversity analysis and the construction of a molecular fingerprinting map were performed for 22

收稿日期: 2025-02-18 修回日期: 网络出版日期:

URL:

第一作者研究方向为大豆作物种质资源与遗传育种, E-mail: ptlqh0725@126.com

通信作者: 贾琪, 研究方向为植物抗逆性与分子遗传学, E-mail: jiaqi@fafuedu.cn

柯庆明, 研究方向为大豆遗传育种与栽培研究, E-mail: keqm@163.com

基金项目: 国家自然科学基金面上项目 (32372061); 福建省科技计划项目—农业引导性 (2021N0039); 福建省科技计划项目—星火项目 (2023S0013); 福建省自然科学基金面上项目 (2024J01132124); 莆田市科技计划项目—技术开发与应用 (2023NJJ002)

Foundation projects: National Natural Science Foundation of China (32372061); Fujian Provincial Science and Technology Project - Agricultural Guidance (2021N0039); Fujian Provincial Science and Technology Project - Spark Initiative (2023S0013); Natural science foundation of Fujian province (2024J01132124); Putian Science and Technology Project - Technology Development and Application (2023NJJ002)

vegetable soybean varieties approved in Fujian Province from 2003 to 2022, basing on 26 phenotypic traits and 43 pairs of SSR molecular markers. The results revealed there exhibited 16 types of variations in the seven qualitative traits among the 22 vegetable soybean varieties, with an average diversity index (H') of 0.494. The variation coefficients of the sixteen quantitative traits ranged from 3.44% to 50.6%, with an average H' of 1.9340, indicating rich phenotypic genetic diversity. A total of 204 loci were detected with 43 pairs of SSR molecular markers, exhibiting an average polymorphism rate of 88.72%. The Polymorphism Information Content (PIC) varied from 0 to 0.3729, with an average of 0.2089. The Satt514 maker demonstrated the highest PIC value of 0.3729. The average number of alleles (N_a) and effective number of alleles (N_e) were 1.8103 and 1.4374, respectively. The average Nei's gene diversity index (H') was 0.2623, and the average Shannon's polymorphism information index (I) was 0.4016. The genetic similarity coefficient among the 22 varieties ranged from 0.4923 to 1.0000, with an average of 0.7073. The highest genetic similarity coefficient was observed between Huxuan 23-9 and Maodou 389 at 1, whereas the lowest coefficient was found between Xinghuadou 618 and Mindou No.10 at 0.4923. Cluster analysis showed that the 22 vegetable soybean cultivars were classified into three groups based on phenotypic characters and molecular markers. Mindou No.1 was classified into a separate group using both methods, indicating that it would have significant differences from other cultivars in both phenotypic traits and genetic background, making it suitable as a parental line for hybridization. Considering the principles of uniform chromosomal distribution, distinct band patterns, and rich polymorphism, eight SSR makers (Satt197, Satt268, Satt373, Satt005, Satt431, Satt334, Satt191, and Satt380) were selected to construct the molecular fingerprint map of the 22 vegetable soybean varieties approved in Fujian Province. With these primer combination, 19 out of the 22 varieties could be distinguished, except for Maodou No.3, Huxuan 23-9, and Maodou 389. The findings would provide a scientific foundation for the efficient utilization of vegetable soybean germplasm resources and breeding in Fujian Province. This would also contribute to the differentiation and preservation of approved varieties.

Key words: vegetable soybean; molecular marker; genetic diversity; fingerprint

菜用大豆，又称作毛豆，是指大豆生长到 R6~R7（鼓粒盛期~成熟初期）时采青荚作菜用的大豆专用型品种，具有高蛋白，低脂肪和易被人体吸收利用的多种游离氨基酸、维生素^[1]，种植效益比一般粒用大豆高 2~3 倍，有利于农民增收和农业种植结构的调整^[2]。福建省作为传统的菜用大豆生产和消费大省，在生产上应用的品种长期以来大多从亚洲蔬菜研究中心或日本引进，品种选育工作起步较晚，基础相对薄弱^[3-4]。截至 2022 年，通过福建省审定的菜用大豆品种共 22 份，其中本省自主选育品种 15 份^[5]。这些品种对推进福建省菜用大豆品种更新换代、丰富品种多样性具有重要意义。探究不同菜用大豆审定品种间的遗传差异，能直观反映育种现状，对种质资源的高效利用和新品种选育具有重要指导作用。

分子标记和表型性状是两种常用来分析作物遗传多样性的方法，前人已利用 SSR（Simple sequence repeats）分子标记对大豆种质资源进行遗传多样性分析，结果表明大豆种质资源遗传多样性与地理来源有一定相关性，不同地区间存在丰富的基因交流，地方品种的遗传多样性高于育成品种，大豆种质资源遗传

相似系数较高，遗传基础狭窄，需加强对遗传背景差异大、亲缘关系远的种质进行利用^[6-8]。聂波涛等^[9]、林文磊等^[10]、范元芳等^[11]和卜远鹏等^[12]通过对大豆种质资源主要农艺性状进行分析与综合评价，结果表明不同大豆品种存在着丰富的表型性状变异，具有广泛的遗传背景和丰富的基因潜力，通过对表型性状分析，能够从中筛选出优异大豆种质资源，提高种质利用效率，为优质品种选育提供参考。但单纯依靠表型鉴定和分子标记鉴定方法均有其各自的局限性，当研究群体较广，外界生态环境复杂时，表型性状不能真实反映 DNA 水平的遗传相似性，将两者结合可提高特异性种质鉴定效率和准确率^[13-16]。目前，将表型性状和分子标记结合对种质资源进行遗传多样性分析已在板栗^[17]、水稻^[18]、甘薯^[19]、马铃薯^[20]等作物上得到应用，结果均表明，表型性状差异能一定程度上反映基因水平的差异，但不能从本质上反映遗传背景差异，以分子标记为主，表型性状分析为辅，二者结合能更加准确地分析种质资源遗传多样性。在粒用大豆上，秦君等^[21]和崔艳华等^[22]利用表型性状和 SSR 分子标记对大豆种质资源进行遗传多样性分析，结果均表明结合表型性状和分子标记才能更为准确地评估种质资源的遗传多样性。

为服务于我省菜用大豆育种研究，了解育成品种亲缘关系和遗传背景，对菜用大豆审定品种的遗传多样性进行评估十分必要。目前，将表型性状和分子标记结合对菜用大豆进行遗传多样性分析的研究较少，且暂无对福建省菜用大豆审定品种遗传多样性分析及指纹图谱构建的系统性研究报道。本研究以 2003~2022 年福建省审定的 22 份菜用大豆为材料，基于 26 个表型性状与 43 对 SSR 分子标记进行遗传多样性分析及分子指纹图谱构建，挖掘丰富的遗传变异信息，对高效利用种质资源和创制优良的新品种有着重要意义。

1 材料与方法

1.1 试验材料

本研究选用 2003~2022 年通过福建省主要农作物品种审定委员会审定的 22 份菜用大豆品种，其中福建省内自主选育（包括引进）品种 15 份，上海市 4 份，江苏省 2 份，浙江省 1 份（表 1）。22 份通过审定的菜用大豆品种具有明确的农艺性状优势、稳定的区域适应性和推广价值，能够反映福建省当前菜用大豆生产中的主流遗传背景。

表 1 截至 2022 年福建省菜用大豆审定品种来源情况

Table 1 Sources of vegetable soybean varieties registered in Fujian until 2022

编号 No.	品种名称 Variety name	审定编号 Approved No.	亲本来源 Parental origin	育种单位 Institute
1	毛豆 75	闽审豆 2003001	台湾省引进	福建省农业科学院耕作所、福建省种子总站
2	毛豆 2808	闽审豆 2003002	台湾省引进	福建省农业科学院耕作所、福建省种子总站
3	闽豆 1 号	闽审豆 2007001	毛豆 292/早生枝豆	福建省农业科学院作物研究所、福建省种子总站
4	毛豆 3 号	闽审豆 2009001	台湾引进	龙海市种子管理站、福建省农业科学院作物研究所
5	沪选 23-9	闽审豆 2009002	AVR-1/VS-9	上海市农业科学院园艺研究所
6	闽豆 5 号	闽审豆 2011001	浙 2818/毛豆 3 号	福建省农业科学院作物研究所
7	绿领 1 号	闽审豆 2011002	由富贵 306 变异单株系统选育	南京绿领种业有限公司

8	毛豆 389	闽审豆 2012001	毛豆 3 号/毛豆 2808	龙海市石码万瑞福良种研究所、龙海市种子管理站
9	闽豆 6 号	闽审豆 2013001	浙 2818/闽豆 1 号	福建省农业科学院作物研究所
10	青酥 6 号	闽审豆 2013002	AVR-3/VS96-7	上海市农业科学院园艺研究所
11	苏豆 10 号	闽审豆 2014002	综合毛豆/宁豆 4 号	江苏省农业科学院蔬菜研究所
12	浙鲜 10 号	闽审豆 2015004	品系 4074/亚 99009	浙江省农业科学院作物与核技术利用研究所
13	交大 11	闽审豆 20180001	(2676/2698) F ₁ / (2679/2680) F ₁	上海交通大学
14	闽豆 7 号	闽审豆 20180002	抚鲜 5 号/云豆 9 号	福建省农业科学院作物研究所
15	兴化豆 1 号	闽审豆 20180003	浙 98002/浙 88005-7	莆田市农业科学研究所
16	兴化豆 618	闽审豆 20190001	浙 98002/毛豆 389	莆田市农业科学研究所
17	闽豆 9 号	闽审豆 20200002	闽豆 6 号/08B4-1	福建省农业科学院作物研究所
18	闽豆 10 号	闽审豆 20210001	抚鲜 5 号/K 丰 72-2	福建省农业科学院作物研究所
19	兴化豆 5 号	闽审豆 20220003	浙 98002/毛豆 389	莆田市农业科学研究所
20	交大 29	闽审豆 20210002	沪鲜 6 号/交大 10-332	上海交通大学
21	闽豆 12	闽审豆 20220001	浙鲜豆 3 号/K 丰 77-1	福建省农业科学院作物研究所
22	闽豆 13	闽审豆 20220002	浙鲜 12 号/交大 18	福建省农业科学院作物研究所

1.2 试验方法

1.2.1 **田间试验** 试验材料种植于莆田市农业科学研究所农作物试验基地 (119° 4' E, 25° 23' N), 该地属亚热带季风气候, 年均气温 16~21℃, 年均日照时数 1995.9 h, 年降水量 1300~1800 mm。试验地土壤为壤土, 前作为甘薯, 土壤有机质含量 1.9%, 土壤中全氮、全磷、全钾含量比例约 1: 1: 17。22 份菜用大豆于 2023 年 3 月 31 日播种, 10 d 左右先后出苗, 各品种采收期从 6 月 23 日~7 月 3 日。试验采用随机区组排列, 3 次重复, 每个品种种植 4 行, 行长 7 m, 行距 0.4 m, 株距 0.19 m, 每穴播种 3 粒, 定苗 2 株。与大田常规管理一致, 播种前结合整畦施钙镁磷肥 375 kg/hm², 花荚期施三元复合肥 (15: 15: 15) 150 kg/hm²; 播种后浇足底墒水, 利于种子发芽出苗, 花荚期保持土壤相对含水量在 70%~80%。

1.2.2 **农艺性状调查** 依据《福建省菜用大豆区域试验观察记载项目及标准》进行田间观察记载幼茎色、叶型、花色、种皮色、脐色、株型、荚形等质量性状并进行形态编码 (表 2)。田间观察记载各品种采收日数 (出苗至鲜荚采收期的天数), 采收时每小区随机选择中间两行 5 穴 10 株植株进行室内考种, 分别测量株高、茎粗、底荚高度、主茎节数、单株有效分枝、单株有效荚数、单株荚重、标准荚数、标准荚长、标准荚宽、鲜百粒重、每 kg 标准荚数、单荚粒数、单株总荚数、单株秕荚数、单粒荚果数、双粒荚果数、三粒荚果数等数量性状。

表 2 质量性状赋值

Table 2 Assignment of values to qualitative traits

性状 Traits	赋值 Assignment of values
幼茎色 Seedling stem color (SSC)	绿色(Green) = 1, 紫色 (Purple) = 2
叶型 Leaf shape (LS)	椭圆 (Oval) = 1, 卵圆 (Ovoid) = 2
花色 Flower color (FC)	绿 (Green) = 1, 紫 (Purple) = 2
种皮色 Seed color (SC)	淡绿 (Pale green) = 1, 淡黄 (Pale yellow) = 2

脐色 Hulim color (HC)

无色 (Colorless) = 1, 浅黄 (Light yellow) = 2, 淡褐 (Light brown) = 3, 蓝黑 (Blue-black) = 4

株型 Plant type (PT)

中间型 (Intermediate) = 1, 收敛型 (Convergence) = 2

荚形 Pod shape (PS)

弯月型 (Crecent) = 1, 中间型 (Intermediate) = 2

1.2.3 DNA 的提取 待菜用大豆生长至两叶一心, 采集鲜嫩叶片按照 CTAB 法提取 DNA^[8]。

1.2.4 SSR 引物设计 参考 <http://soybase.org/> 公布的引物标记和 <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/> 中大豆遗传图谱, 选取均匀分布于 20 条染色体 (Gm01-Gm20), 且文献中报道^[7,23]的多态性较高的 43 对 SSR 引物 (表 3) 用于遗传多样性分析和指纹图谱构建。SSR 引物由福州尚亚生物技术有限公司合成。

表 3 43 对 SSR 引物信息

Table 3 Information for 43 pairs of SSR primers

引物 Primer	连锁群 Linkage group	染色体 Chromosome	正向 DNA 序列 Forward DNA sequence	反向 DNA 序列 Reverse DNA sequence
Satt300	A1	Gm05	GCGCCACACAACCTTTAATCTT	GCGGCGACTGTAAACGTGTC
Satt429	A2	Gm08	GCGACCATCATCTAATCACAATCTACTA	TCCCCATCATTATCGAAAATAATAAAT
Satt197	B1	Gm11	CACTGCTTTTTCCCTCTCT	AAGATACCCCAACATTATTGTAA
Satt556	B2	Gm14	GCGATAAAACCCGATAAAATA	GCGTTGTGCACCTTGTTTTCT
Satt100	C2	Gm06	ACCTCATTTTGGCATAAA	TGGAAAACAAGTAATAATAACA
Satt267	D1a	Gm01	CCGGTCTGACCTATTCTCAT	CACGGCGTATTTTTATTTTG
Satt005	D1b	Gm02	TATCCTAGAGAAGAACTAAAAAA	GTCGATTAGGCTTGAAATA
Satt514	D2	Gm17	GCGCCAACAAATCAAGTCAAGTAGAAAT	GCGGTTCATCTAATTAATCCCTTTTGGAA
Satt268	E	Gm15	TCAGGGGTGGACCTATATAAAATA	CAGTGGTGGCAGATGTAGAA
Satt334	F	Gm13	GCGTTAAGAATGCATTTATGTTTAGTC	GCGAGTTTTGGTTGGATTGAGTTG
Satt191	G	Gm18	CGCGATCATGTCTCTG	GGGAGTTGGTGTTTTCTTGTCG
Satt218	F	Gm13	TCAATCAACAAAAACATAATTCTTC	ATTTGTGTTTTGTTTTAGCTCTCTA
Satt380	J	Gm16	GCGAGTAACGGTCTTCTAACAAGGAAAG	GCGTGCCCTTACTCTCAAAAAA
Satt588	K	Gm09	GCTGCATATCCACTCTCATTGACT	GAGCCAAAACCAAGTGAAGAAC
Satt567	M	Gm07	GGCTAACCCGCTCTATGT	GGGCCATGCACCTGCTACT
Satt022	N	Gm03	GGGGGATCTGATTGTATTTTACCT	CGGGTTTCAAAAAACCATCCTTAC
Satt487	O	Gm10	ATCACGGACCAGTTCATTGA	TGAACCGGTATTCTTTTAATCT
Satt236	A1	Gm05	GCGTGCTTCAAACCAACAACAACCTTA	GCGGTTTGCAGTACGTACCTAAAATAGA
Satt453	B1	Gm11	GCGGAAAAAAAACAATAACAACA	TAGTGGGGAAGGGAAGTTACC
Satt168	B2	Gm14	CGCTTGCCAAAAATTAATAGTA	CCATTCTCAACCTCAATCTTATAT
Satt180	C1	Gm04	TCGCGTTTGTCAGC	TTGATTGAAACCCAACCTA
Satt092	D2	Gm17	AATTGAGTGAACCTTATAAGAATTAGTC	AAATAAGTAGGATGCTTGACAAA
Sat_112	E	Gm15	TGTGACAGTATACCGACATAATA	CTACAAATAACATGAAATATAAGAAATA
Satt193	F	Gm13	GCGTTTCGATAAAAAATGTTACACCTC	TGTTTCGATTATTGATCAAAAAT
Satt288	G	Gm18	GCGGGGTGATTAGTGTGTTGACACCT	GCGCTTATAATTAAGAGCAAAAGAAG
Satt442	H	Gm12	CCTGGACTTGTTGCTCATCAA	GCGGTTCAAGGCTTCAAGTAGTCAC
Satt330	I	Gm20	GCGCCTCCATTCCACAACAAATA	GCGGCATCCGTTTCTAAGATAGTTA
Satt431	J	Gm16	GCGTGGCACCCCTTGATAAATAA	GCGCACGAAAGTTTTCTGTAACA
Satt242	K	Gm09	GCGTTGATCAGGTCGATTTTTATTTGT	GCGAGTGCCAACTAACTACTTTTATGA
Satt373	L	Gm19	TCCGCGAGATAAATTCGTAAAAT	GGCCAGATACCAAGTTGTACTTGT
Satt551	M	Gm07	GAATATCACGCGAGAATTTTAC	TATATGCGAACCCCTTACAAT

Sat_084	N	Gm03	AAAAAAGTATCCATGAAACAA	TTGGGACCTTAGAAGCTA
Satt345	O	Gm10	CCCCTATTCAAGAGAATAAGGAA	CCATGCTCTACATCTTCATCATC
Satt509	B1	Gm11	GCGCTACCGTGTGGTGGTGTGCTACCT	GCGCAAGTGGCCAGCTCATCTATT
Satt415	B1	Gm11	GCGTCTCCCTTAATCTTCAAGC	GCGTGTGACGGTTCAAAATGATAGTT
Satt271	D1b	Gm02	GTTGCAGTTGTGCGTGGGAGAGAG	GCGACATAGCTAATTAAGTAAGTT
Satt579	D1b	Gm02	GCGATTGGTTATTCTGATTAAT	GCGGTTACGAAAATCGTAAATTTGATG
Satt542	D1b	Gm02	CACCAGCACAGAACAATCATT	CACGGTCTAACCTTTCCTTCTA
Satt600	D1b	Gm02	GCGCAGGAAAAAAAAACGCTTTTATT	GCGCAATCCACTAGGTGTTAAT
Satt216	D1b	Gm02	TACCCTTAATCACCGGACAA	AGGGAACTAACACATTTAATCATCA
Satt230	E	Gm07	CCGTCACCGTTAATAAAATAGCAT	CTCCCCAAATTTAACCTTAAAGA
Satt548	D1a	Gm01	GCGGGTTAAGTCTCTTTTGAACA	GCGCCAATTAATCCATCATTAAATCAG
Satt184	D1a	Gm01	GCGCTATGTAGATTATCCAAATTACGC	GCCACTTACTGTTACTCAT

1.2.5 PCR 扩增 采用 10 μ L PCR 反应体系: 2 \times Taq PCR Mix 预混液 5 μ L, 2 μ M 上、下游引物各 0.25 μ L, DNA 模板 0.5 μ L, MQ 4 μ L。扩增程序: 95 $^{\circ}$ C 预变性 3 min; 95 $^{\circ}$ C 30 s, 55 $^{\circ}$ C (依引物而定) 30 s, 72 $^{\circ}$ C 30 s, 40 个循环。72 $^{\circ}$ C 延伸 5 min。PCR 产物用 6%非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳分离。

1.3 数据处理与分析

采用Microsoft Excel 2019、SPSS 26软件进行数据整理, 计算表型性状平均数、变异系数、标准差和遗传多样性指数 (H')。参考前人^[24]的方法计算 H' , 首先计算参试材料某一性状的总体平均数 (X) 和标准差 (σ), 然后从第1级 ($X_i < X - 2\sigma$) 到第10级 ($X_i \geq X + 2\sigma$) 划分为10级, 中间每级相差0.5 σ , 每一级中观察值个体数相对于总个数的比例用于计算 H' , $H' = -\sum P_i \ln P_i$, 式中, P_i 为某一性状第*i*级别内材料份数占总份数的百分比。利用Origin 2024软件进行表型相关性分析、作图。

用 Microsoft Excel 2019 软件对 SSR 扩增条带有无进行计数, 同一位置有条带赋值“1”, 无条带赋值“0”, 并绘制指纹图谱。利用 Popgene 32 软件计算 SSR 分子标记的等位基因数 (Observed number of alleles, N_a)、有效等位基因数 (Effective number of alleles, N_e)、Nei's 基因多样性指数 (Nei's gene diversity, H')、Shannon's 信息指数 (Shannon's information index, I)^[19]。利用 PIC_CALC-master 软件计算 SSR 分子标记多态性信息含量 (Polymorphism information content, PIC), 利用 NTSYS pc 2.1 软件 DICE 法计算材料间的遗传相似系数, 并用 SHAN Clustering 模块进行算数平均数不加权对组法 (UPGMA) 聚类分析, 构建树状聚类图^[25]。

通过中国种业大数据平台 (<http://202.127.42.47:6010/SDSite/Home/Index>) 和各有关品种的选育文章^[26-34]对 22 份菜用大豆进行溯源, 利用 Microsoft PowerPoint 2019 绘制系谱图。

2 结果与分析

2.1 22 份菜用大豆品种表型性状多样性分析

对 22 份菜用大豆的 7 个质量性状进行分析发现 (表 4), 幼茎色与花色二者高度关联, 紫茎品种均为紫花, 绿茎品种均为白花, 绿茎白花品种占比为 77.27%, 紫茎紫花品种占比 22.13%; 21 份品种叶型均为椭圆

形，1份为卵圆形；种皮色以淡绿色为主（86.36%），少数淡黄色；株型以收敛型为主（86.36%）；荚形以中间型为主（63.64%），弯月型较少（36.36%）；脐色多为浅黄色（77.27%），无色次之，蓝色和淡褐色仅各有1个品种。所调查的质量性状共有16种变异类型，22份材料平均多样性指数 H' 为0.494，其中脐色 H' 最高，为0.752，存在4种变异类型；荚形次之， H' 为0.655，存在2种变异类型；其他质量性状均为2种变异类型，多样性指数 H' 为0.185~0.536（表5）。

表4 22份菜用大豆品种质量性状调查结果

Table 4 Qualitative traits of 22 vegetable soybean varieties

序号 No.	品种名称 Variety name	幼茎色 Seedling stem color	叶型 Leaf shape	花色 Flower color	种皮色 Seed color	脐色 Hilum color	株型 Plant type	荚形 Pod shape
1	毛豆 75	绿色	椭圆	白	淡绿	无色	中间型	弯月型
2	毛豆 2808	紫色	椭圆	紫	淡黄	无色	收敛型	中间型
3	闽豆 1 号	绿色	椭圆	白	淡黄	浅黄	收敛型	中间型
4	毛豆 3 号	绿色	椭圆	白	淡绿	浅黄	收敛型	中间型
5	沪选 23-9	绿色	椭圆	白	淡绿	浅黄	中间型	弯月型
6	闽豆 5 号	绿色	椭圆	白	淡绿	浅黄	收敛型	弯月型
7	绿领 1 号	绿色	卵圆	白	淡绿	浅黄	中间型	弯月型
8	毛豆 389	绿色	椭圆	白	淡绿	浅黄	收敛型	中间型
9	闽豆 6 号	绿色	椭圆	白	淡绿	浅黄	收敛型	弯月型
10	青酥 6 号	紫色	椭圆	紫	淡绿	蓝黑	收敛型	中间型
11	苏豆 10 号	绿色	椭圆	白	淡绿	浅黄	收敛型	中间型
12	浙鲜 10 号	绿色	椭圆	白	淡绿	浅黄	收敛型	中间型
13	交大 11	绿色	椭圆	白	淡绿	浅黄	收敛型	中间型
14	闽豆 7 号	绿色	椭圆	白	淡绿	浅黄	收敛型	中间型
15	兴化豆 1 号	绿色	椭圆	白	淡绿	浅黄	收敛型	中间型
16	兴化豆 618	绿色	椭圆	白	淡黄	淡褐	收敛型	中间型
17	闽豆 9 号	紫色	椭圆	紫	淡绿	浅黄	收敛型	弯月型
18	闽豆 10 号	紫色	椭圆	紫	淡绿	浅黄	收敛型	弯月型
19	兴化豆 5 号	绿色	椭圆	白	淡绿	无色	收敛型	弯月型
20	交大 29	绿色	椭圆	白	淡绿	浅黄	收敛型	中间型
21	闽豆 12	紫色	椭圆	紫	淡绿	浅黄	收敛型	中间型
22	闽豆 13	绿色	椭圆	白	淡绿	浅黄	收敛型	中间型

表5 质量性状遗传多样性分析

Table 5 Genetic diversity analysis of qualitative traits

性状 Trait	符合性状赋值品种数量 Number of germplasms with assigned trait values				频次分布 Frequency distribution				多样性指数 H'
	1	2	3	4	1	2	3	4	
幼茎色 Seedling stem color (SSC)	17	5	—	—	0.773	0.227	—	—	0.536
叶型 Leaf shape (LS)	21	1	—	—	0.955	0.045	—	—	0.185
花色 Flower color (FC)	17	5	—	—	0.773	0.227	—	—	0.536
种皮色 Seed color (SC)	19	3	—	—	0.864	0.136	—	—	0.398
脐色 Hilum color (HC)	3	17	1	1	0.136	0.773	0.045	0.045	0.752

株型 Plant type (PT)	3	19	—	—	0.136	0.864	—	—	0.398
荚形 Pod shape (PS)	8	14	—	—	0.364	0.636	—	—	0.655

通过对 22 份菜用大豆数量性状进行分析（表 6），发现其变异系数分布从 3.44~50.6%，说明 22 份品种间存在着丰富的变异类型。各类型荚果数变异系数均大于 20%，其中，单株秕荚数变异系数最大为 50.6%；采收日数变异系数最低，22 份菜用大豆采收日数在 73~84 d，其中 19 份品种采收日数 ≤ 80 d，属于中早熟品种；在与株型相关的性状株高、茎粗、主茎节数、有效分枝数、底荚高度变异系数均大于 10%，与产量相关的单株有效荚数和单株荚重变异系数也均大于 10%；标准荚长、荚宽、鲜百粒重和每 kg 标准荚数变异系数相对较小，小于 10%。数量性状多样性指数 H' 平均值为 1.9340，双粒荚果数 H' 最低，为 1.5775，鲜百粒重 H' 最高，为 2.1871，以上结果均表明 22 份菜用大豆品种整体上具有丰富的表型遗传多样性和差异性。

表 6 19 个数量性状遗传多样性分析

Table 6 Genetic diversity analysis of 19 quantitative traits

数量性状 Quantitative trait	平均值±标准差 Mean±SD	变异系数(%) CV	变异幅度 Range	多样性指数 H'
采收日数(d) Days of harvesting	77.95±2.68	3.44	73.00-84.00	1.8048
株高(cm) Plant height	29.89±5.61	18.78	23.58-45.92	1.6933
茎粗(mm) Stem diameter	6.21±0.66	10.56	5.06-7.13	1.6974
主茎节数 Number of nodes on main stem	8.15±1.02	12.46	6.75-10.5	1.6805
有效分枝数 Effective branch number	2.84±0.71	25.13	1.67-4.17	2.0476
底荚高度(cm) Pod height at bottom	6.59±1.27	19.30	4.58-10.33	1.8070
二粒以上标准荚数 Number of standard pods	23.33±4.54	19.45	17.33-33.33	2.1726
标准荚长(cm) Standard pod length	5.42±0.33	6.00	4.81-6.15	1.9639
标准荚宽(cm) Standard pod width	1.38±0.06	4.28	1.29-1.51	2.0507
单荚粒数 Number of seed per pod	1.89±0.11	5.90	1.69-2.18	1.8833
鲜百粒重(g) Fresh weight of 100 grains	71.19±4.95	6.95	60.66-82.62	2.1871
每 kg 标准荚数 Standard pods per kg	349.55±25.96	7.43	290.00-398.00	2.0620
单株荚重(g) Pod weight per plant	78.55±9.44	12.02	60.17-95.00	1.8964
单株总荚数 Pod number per plant	34.76±6.07	17.46	26.25-45.75	2.1520
单株有效荚数 Number of effective pods per plant	32.48±5.86	18.04	25.00-44.33	2.1282
单株秕荚数 Number of empty pods per plant	2.28±1.15	50.60	0.83-4.50	1.7810
单粒荚果数 Number of single-seeded pods	8.78±1.92	21.83	5.42-12.5	2.0238
双粒荚果数 Number of double-seeded pods	18.99±5.49	28.93	12.25-30.42	1.5775
三粒荚果数 Number of triple-seeded pods	4.68±2.09	44.58	1.75-10.67	2.1373

2.2 22 份菜用大豆品种聚类分析

基于表型性状指标进行聚类分析，构建树状图（图 1），22 份菜用大豆在欧式距离 18 时，被分为 3 大类，各类群的农艺性状均值见表 7。第 I 类包含 18 份材料，其主要特征为，植株较高，茎粗较粗，平均单株荚重、有效分枝数、荚数及荚粒数均是 3 类里面最高，综合性状最好，该类群可作为高产品种进行开发利用；第 II 类包含 5 份材料，该类群主要特征为标准荚长最长，鲜百粒重最高，其他农艺性状均处于中间

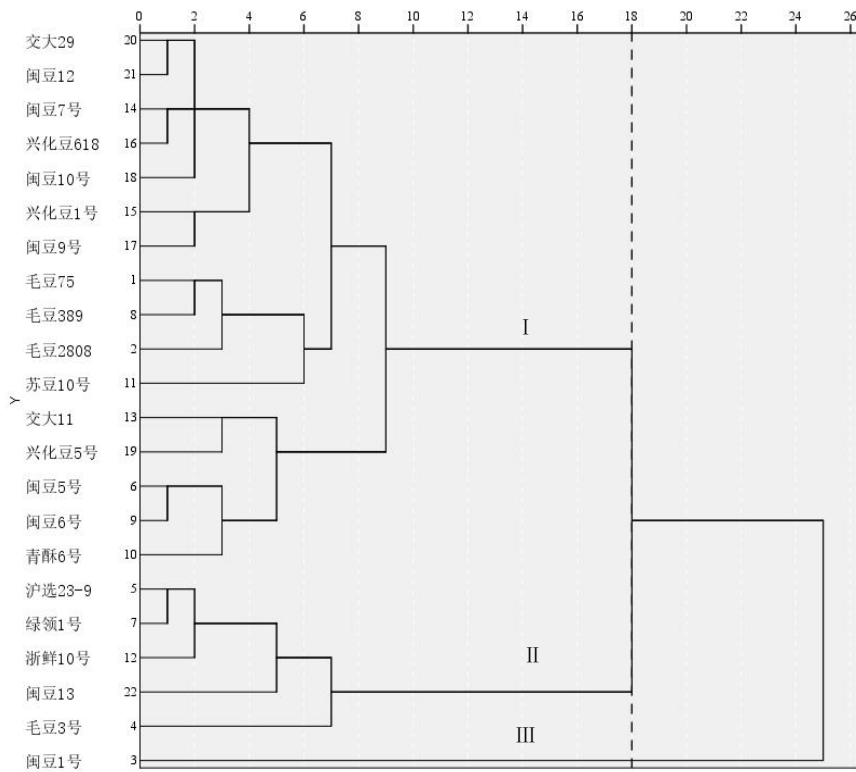


图 1 22 份菜用大豆品种基于农艺性状的聚类图

Fig. 1 Clustering diagram of 22 vegetable soybean varieties based on agronomic traits

水平，属大荚大粒品种；闽豆 1 号被单独分为 1 类，其每 kg 标准荚数最高，鲜百粒重、单株荚重最低，标准荚长最短，茎粗最细，有效分枝最少，单株粒数最多，属小粒小荚品种。

表 7 22 份菜用大豆品种基于农艺性状聚类的 3 个类群主要农艺性状均值表

Table 7 Mean values of main agronomic traits of 22 vegetable soybean for three clusters based on agronomic traits

农艺性状 Agronomic trait	类群 Cluster		
	I	II	III
采收日数(d) Days of harvesting	77.90	78.40	76.00
株高(cm) Plant height	30.77	28.03	25.25
茎粗(mm) Stem diameter	6.34	6.01	5.06
主茎节数 Number of nodes on main stem	8.26	7.71	8.58
有效分枝数 Effective branch number	3.04	2.43	1.67
底荚高度(cm) Pod height at bottom	6.91	5.65	6.17
二粒以上标准荚数 Number of Standard pods	24.28	21.50	17.33
标准荚长(cm) Standard pod length	5.36	5.73	4.81
标准荚宽(cm) Standard pod width	1.38	1.38	1.43
单荚粒数 Number of seed per pod	1.89	1.88	1.84
鲜百粒重(g) Fresh weight of 100 grains	70.50	75.51	60.66
每 kg 标准荚数 Standard pods per kg	357.81	313.40	398.00
单株荚重(g) Pod weight per plant	80.25	76.77	60.17
单株总荚数 Pod number per plant	36.95	29.15	27.83

单株有效荚数 Number of effective pods per plant	34.45	27.33	26.83
单株秕荚数 Number of empty pods per plant	2.50	1.82	1.00
单粒荚果数 Number of single-seeded pods	9.03	7.83	9.50
双粒荚果数 Number of double-seeded pods	20.49	15.55	12.25
三粒荚果数 Number of triple-seeded pods	4.89	3.94	5.08

2.3 22 份菜用大豆品种主要表型性状相关性分析

对 22 份菜用大豆品种主要农艺性状进行皮尔逊双尾相关性分析,发现各性状间存在不同程度的相关性。结果如图 2 所示,采收日数与茎粗存在极显著正相关;株高与茎粗、主茎节数、有效分枝数、底荚高度、二粒以上标准荚数、单株荚重呈显著正相关;茎粗与有效分枝数、二粒以上标准荚数、单荚粒数、单株荚重、双粒荚果数存在显著正相关;主茎节数同有效分枝数、二粒以上标准荚数、单株荚重、单株总荚数、单株有效荚数呈显著正相关;有效分枝数与二粒以上标准荚数、单荚粒数、单株荚重、单株有效荚、单株总荚数、双粒荚果数存在显著正相关;底荚高度与每 kg 标准荚数呈显著正相关;二粒以上标准荚数与单株荚重、单株总荚数、单株有效荚数、双粒荚数呈极显著正相关;标准荚长与每 kg 标准荚数和单粒荚果数呈显著负相关;标准荚宽与种皮色和荚形呈显著正相关;每 kg 标准荚数与鲜百粒重呈极显著负相关,与单株有效荚数、单粒荚果数呈显著正相关;单株荚重是影响产量的关键因素之一,单株总荚数、单株有效荚数、双粒荚果数三者彼此为极显著正相关;单株秕荚数与花色和幼茎色存在极显著相关;单粒荚果数与鲜百粒重和单荚粒数呈显著负相关;三粒荚果数与单荚粒数表现为极显著正相关;鲜百粒重与种皮色存在显著相关;花色与幼茎颜色、叶型与株型存在极显著相关;株型与荚型存在显著相关性。

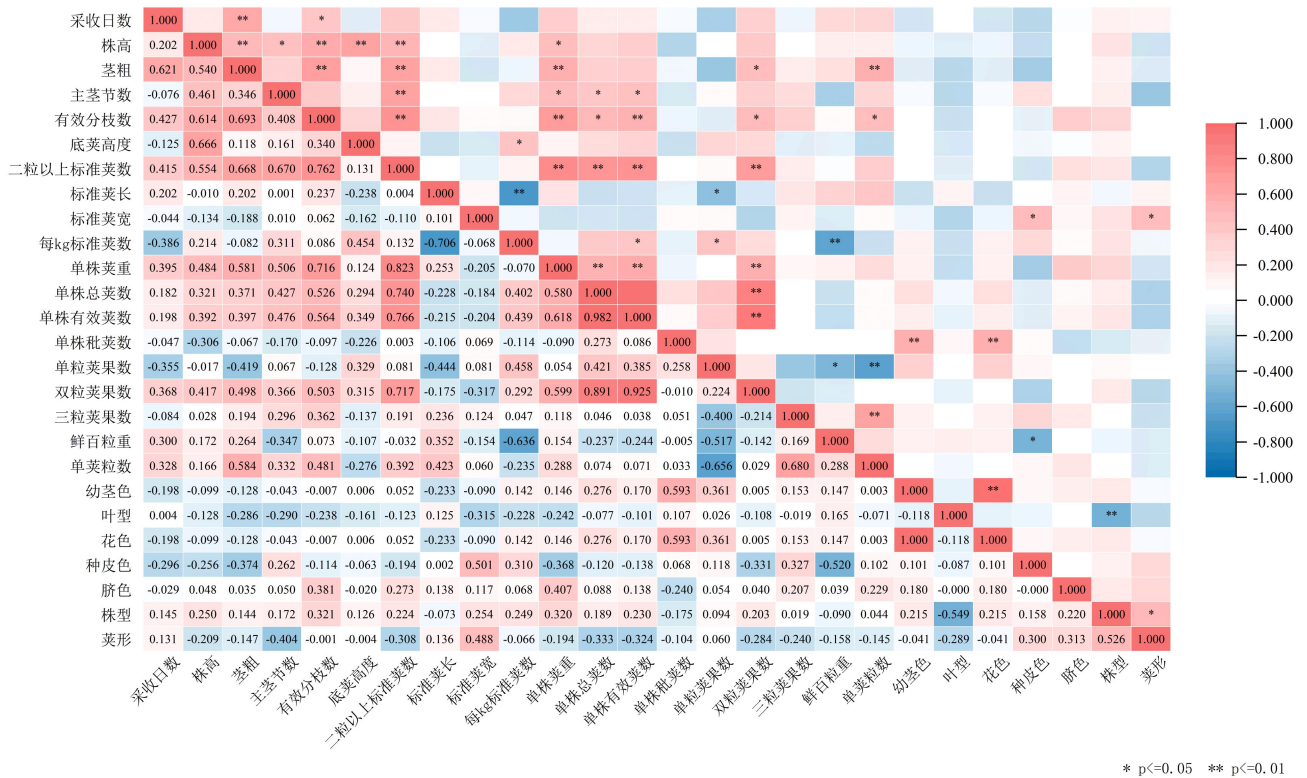


图 2 主要农艺性状相关性分析

Fig.2 Correlation analysis of agronomic traits

2.4 SSR 分子标记多态性分析

利用分布于 20 条染色体的 43 对 SSR 引物对 22 份品种进行扩增，共检测到 204 个位点，其中多态位点 181 个，平均每个引物 4.21 个多态位点，多态性比率 88.72%；引物平均多态信息含量 (PIC) 为 0.2089，其中 Satt514 引物 PIC 值最高为 0.3729；等位基因数 (N_a) 和有效等位基因数 (N_e) 分别为 0.1765~2.0000 和 1.000~1.9836，平均值分别为 1.8103 和 1.4374 (表 8)。平均 Nei' s 基因多样性指数 H' 为 0.2623，Shannon's 多态性信息指数 I 平均值为 0.4016。其中，Satt514、Satt567、Satt542、Satt600、Satt579、Satt373 等 6 个引物的 PIC (>0.3)、 H' (>0.4) 和 I (>0.6) 值较高，表明这些引物有较高的多态性监测效率。

表 8 43 对 SSR 引物遗传多样性参数

Table 8 Polymorphism information of 43 pairs of SSR primers

引物 Primer	总位点数 Number of bands	多态位点数 Polymorphic locus	多态性比率(%) Polymorphism Ratio	PIC	N_a	N_e	H'	I
Satt300	6	6	100.00	0.1516	2.0000	1.1980	0.1653	0.3046
Satt429	3	2	66.67	0.0553	1.6667	1.0633	0.0579	0.1233
Satt197	6	6	100.00	0.2742	2.0000	1.6715	0.3554	0.5168
Satt556	5	5	100.00	0.3077	2.0000	1.7529	0.4000	0.5740
Satt100	5	4	80.00	0.1471	0.1765	1.2958	0.2066	0.3362
Satt267	4	4	100.00	0.1516	2.0000	1.1980	0.1653	0.3046
Satt005	6	6	100.00	0.2844	2.0000	1.5703	0.3499	0.5299
Satt514	5	5	100.00	0.3729	2.0000	1.9836	0.4959	0.6890

Satt268	7	7	100.00	0.2625	2.0000	1.5571	0.3282	0.4926
Satt334	5	3	60.00	0.1965	1.6000	1.4398	0.2496	0.3630
Satt191	5	5	100.00	0.3012	2.0000	1.6892	0.3818	0.5554
Satt218	10	10	100.00	0.3062	2.0000	1.6298	0.3802	0.5666
Satt380	5	5	100.00	0.1379	2.0000	1.1774	0.1496	0.2807
Satt588	5	2	40.00	0.0332	1.4000	1.0380	0.0347	0.0740
Satt567	4	4	100.00	0.3666	2.0000	1.9360	0.4835	0.6765
Satt022	4	4	100.00	0.3180	2.0000	1.6575	0.3967	0.5860
Satt487	4	4	100.00	0.1173	2.0000	1.1465	0.1260	0.2448
Satt236	4	4	100.00	0.2533	2.0000	1.4235	0.2975	0.4741
Satt453	5	4	80.00	0.2316	2.0000	1.9107	0.4762	0.6691
Satt168	3	0	0.00	0.0000	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
Satt180	5	5	100.00	0.1491	2.0000	1.1994	0.1636	0.2994
Satt092	5	5	100.00	0.2223	2.0000	1.4418	0.2719	0.4237
Sat_112	5	0	0.00	0.0000	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
Satt193	6	6	100.00	0.1814	2.0000	1.2756	0.2066	0.3525
Satt288	8	8	100.00	0.3151	2.0000	1.7061	0.3998	0.5846
Satt442	6	6	100.00	0.2410	2.0000	1.4264	0.2865	0.4549
Satt330	4	4	100.00	0.2078	2.0000	1.3081	0.2355	0.3983
Satt431	6	6	100.00	0.2603	2.0000	1.5019	0.3168	0.4887
Satt242	5	5	100.00	0.3055	2.0000	1.7380	0.3959	0.5698
Satt373	6	6	100.00	0.3250	2.0000	1.8382	0.4284	0.6057
Satt551	4	4	100.00	0.2896	2.0000	1.5414	0.3512	0.5360
Sat_084	3	0	0.00	0.0000	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
Satt345	4	4	100.00	0.2487	2.0000	1.4248	0.2934	0.4671
Satt509	2	0	0.00	0.0000	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
Satt415	3	3	100.00	0.2603	2.0000	1.5019	0.3168	0.4887
Satt271	4	4	100.00	0.0830	2.0000	1.0950	0.0868	0.1849
Satt579	3	3	100.00	0.3288	2.0000	1.7652	0.4215	0.6091
Satt542	2	2	100.00	0.3557	2.0000	1.8615	0.4628	0.6555
Satt600	6	6	100.00	0.3398	2.0000	1.7664	0.4339	0.6255
Satt216	6	6	100.00	0.1516	2.0000	1.1980	0.1653	0.3046
Satt230	2	0	0.00	0.0000	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
Satt548	2	2	100.00	0.1516	2.0000	1.1980	0.1653	0.3046
Satt184	6	6	100.00	0.2958	2.0000	1.6802	0.3774	0.5519
平均 mean		4.21	88.72	0.2089	1.8103	1.4374	0.2623	0.4016

2.5 SSR 分子标记遗传相似性及聚类分析

利用NTSYS-pc 2.1软件计算基于43对SSR分子标记检测出的204个位点数据计算品种间遗传相似系数(表9)。22份品种间的遗传相似系数为0.4923~1.0000, 平均为0.7073, 其中沪选23-9和毛豆389遗传相似数最大为1, 表明2个品种亲缘关系很近, 43对SSR分子标记均无法将2份品种区分开; 兴化豆618和闽豆10号间遗传相似系数最小为0.4923, 表明两份品种间遗传背景差异较大。沪选23-9和其他21份菜用大豆品种间的平

均遗传相似系数最大为0.7847，闽豆1号和其他品种间平均遗传相似系数最小为0.5898。

表 9 22 份菜用大豆品种的遗传相似系数
Table 9 Genetic similarity coefficients of 22 vegetable soybean varieties

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22
1		0.7810	0.5392	0.9378	0.9524	0.8286	0.9479	0.9524	0.5941	0.7150	0.7864	0.9320	0.6473	0.7440	0.6019	0.5900	0.7308	0.7902	0.6305	0.7404	0.6931	0.7638
2	0.7810		0.5588	0.8134	0.8286	0.7143	0.8246	0.8286	0.4950	0.8406	0.6117	0.7670	0.6280	0.6763	0.6019	0.5800	0.7115	0.6829	0.6108	0.7115	0.5842	0.7337
3	0.5392	0.5588		0.5517	0.5392	0.5980	0.5366	0.5392	0.6837	0.5174	0.6700	0.5800	0.6567	0.6965	0.6000	0.5670	0.6238	0.5025	0.5990	0.6436	0.5612	0.6218
4	0.9378	0.8134	0.5517		0.9856	0.8517	0.9810	0.9856	0.6368	0.7670	0.7902	0.9268	0.6699	0.7767	0.6341	0.6030	0.7150	0.8333	0.6139	0.7729	0.7065	0.7980
5	0.9524	0.8286	0.5392	0.9856		0.8667	0.9953	1.0000	0.6337	0.7633	0.7864	0.9417	0.6860	0.7923	0.6214	0.6000	0.7308	0.8195	0.6305	0.7885	0.7228	0.7940
6	0.8286	0.7143	0.5980	0.8517	0.8667		0.8626	0.8667	0.7327	0.7150	0.8252	0.8447	0.8213	0.7536	0.6796	0.6400	0.7788	0.7610	0.6700	0.7788	0.7921	0.7638
7	0.9479	0.8246	0.5366	0.9810	0.9953	0.8626		0.9953	0.6305	0.7596	0.7826	0.9372	0.6827	0.7885	0.6184	0.5970	0.7273	0.8155	0.6275	0.7847	0.7192	0.7900
8	0.9524	0.8286	0.5392	0.9856	1.0000	0.8667	0.9953		0.6337	0.7633	0.7864	0.9417	0.6860	0.7923	0.6214	0.6000	0.7308	0.8195	0.6305	0.7885	0.7228	0.7940
9	0.5941	0.4950	0.6837	0.6368	0.6337	0.7327	0.6305	0.6337		0.5427	0.7374	0.6061	0.6935	0.6834	0.5859	0.5625	0.6100	0.5990	0.5744	0.6200	0.6907	0.6073
10	0.7150	0.8406	0.5174	0.7670	0.7633	0.7150	0.7596	0.7633	0.5427		0.6404	0.6995	0.6471	0.6078	0.6010	0.5584	0.6537	0.6535	0.6100	0.7610	0.6231	0.7551
11	0.7864	0.6117	0.6700	0.7902	0.7864	0.8252	0.7826	0.7864	0.7374	0.6404		0.8317	0.7783	0.7389	0.7426	0.6122	0.7745	0.7164	0.6533	0.7255	0.7778	0.7282
12	0.9320	0.7670	0.5800	0.9268	0.9417	0.8447	0.9372	0.9417	0.6061	0.6995	0.8317		0.6995	0.8079	0.6238	0.6224	0.7745	0.7960	0.6533	0.7647	0.6970	0.7487
13	0.6473	0.6280	0.6567	0.6699	0.6860	0.8213	0.6827	0.6860	0.6935	0.6471	0.7783	0.6995		0.6961	0.8473	0.5482	0.7317	0.5941	0.6400	0.7805	0.6533	0.7347
14	0.7440	0.6763	0.6965	0.7767	0.7923	0.7536	0.7885	0.7923	0.6834	0.6078	0.7389	0.8079	0.6961		0.6207	0.6396	0.7220	0.7228	0.7100	0.6829	0.7337	0.6020
15	0.6019	0.6019	0.6000	0.6341	0.6214	0.6796	0.6184	0.6214	0.5859	0.6010	0.7426	0.6238	0.8473	0.6207		0.6020	0.7157	0.5572	0.6633	0.7157	0.6566	0.6974
16	0.5900	0.5800	0.5670	0.6030	0.6000	0.6400	0.5970	0.6000	0.5625	0.5584	0.6122	0.6224	0.5482	0.6396	0.6020		0.6061	0.4923	0.7565	0.5354	0.6354	0.5291
17	0.7308	0.7115	0.6238	0.7150	0.7308	0.7788	0.7273	0.7308	0.6100	0.6537	0.7745	0.7745	0.7317	0.7220	0.7157	0.6061		0.6601	0.6866	0.6990	0.7100	0.6802
18	0.7902	0.6829	0.5025	0.8333	0.8195	0.7610	0.8155	0.8195	0.5990	0.6535	0.7164	0.7960	0.5941	0.7228	0.5572	0.4923	0.6601		0.5657	0.7094	0.7005	0.6907
19	0.6305	0.6108	0.5990	0.6139	0.6305	0.6700	0.6275	0.6305	0.5744	0.6100	0.6533	0.6533	0.6400	0.7100	0.6633	0.7565	0.6866	0.5657		0.7264	0.6359	0.6250
20	0.7404	0.7115	0.6436	0.7729	0.7885	0.7788	0.7847	0.7885	0.6200	0.7610	0.7255	0.7647	0.7805	0.6829	0.7157	0.5354	0.6990	0.7094	0.7264		0.6600	0.8934
21	0.6931	0.5842	0.5612	0.7065	0.7228	0.7921	0.7192	0.7228	0.6907	0.6231	0.7778	0.6970	0.6533	0.7337	0.6566	0.6354	0.7100	0.7005	0.6359	0.6600		0.6597
22	0.7638	0.7337	0.6218	0.7980	0.7940	0.7638	0.7900	0.7940	0.6073	0.7551	0.7282	0.7487	0.7347	0.6020	0.6974	0.5291	0.6802	0.6907	0.6250	0.8934	0.6597	
Mean	0.7571	0.6945	0.5898	0.7786	0.7847	0.7688	0.7811	0.7847	0.6263	0.6759	0.7379	0.7713	0.6915	0.7137	0.6480	0.5942	0.7035	0.6896	0.6435	0.7277	0.6826	0.7148

1~22 为 22 份菜用大豆品种序号

1 ~ 22 are the serial numbers of 22 vegetable soybean varieties.

基于22份品种间的遗传相似系数进行UPGMA聚类（图3），结果显示在遗传相似系数为0.634时，可分为三大类，第I类仅包含闽豆1号和闽豆6号两份品种，闽豆1号为闽豆6号的父本。第II为兴化豆618和兴化豆5号，这两份品种是由同一个杂交组合选育出来的不同品种。剩余的18份品种聚为第III类，其中毛豆75、

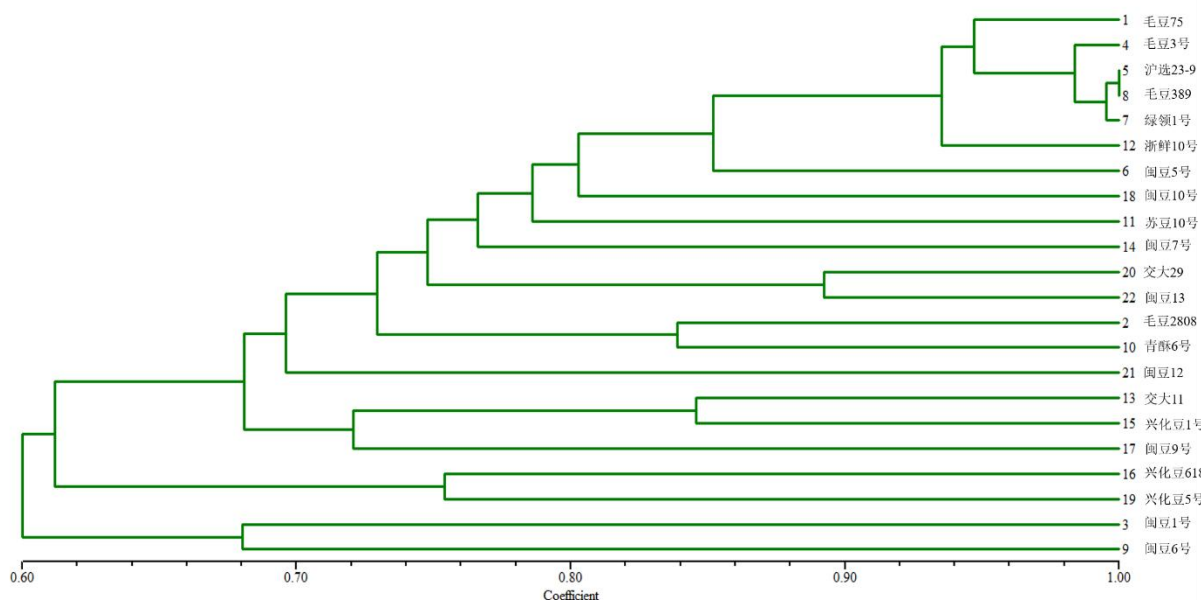


图 3 22 份菜用大豆品种基于遗传相似系数聚类结果

Fig. 3 Clustering results of 22 vegetable soybean varieties based on genetic similarity coefficients

毛豆3号、沪选23-9、绿领1号、毛豆389、浙鲜10号在遗传聚类0.934聚为一个小类，表明这6份品种间亲缘关系较近，可能与这些品种含有台湾品种血缘有关。

2.6 SSR 分子标记指纹图谱构建

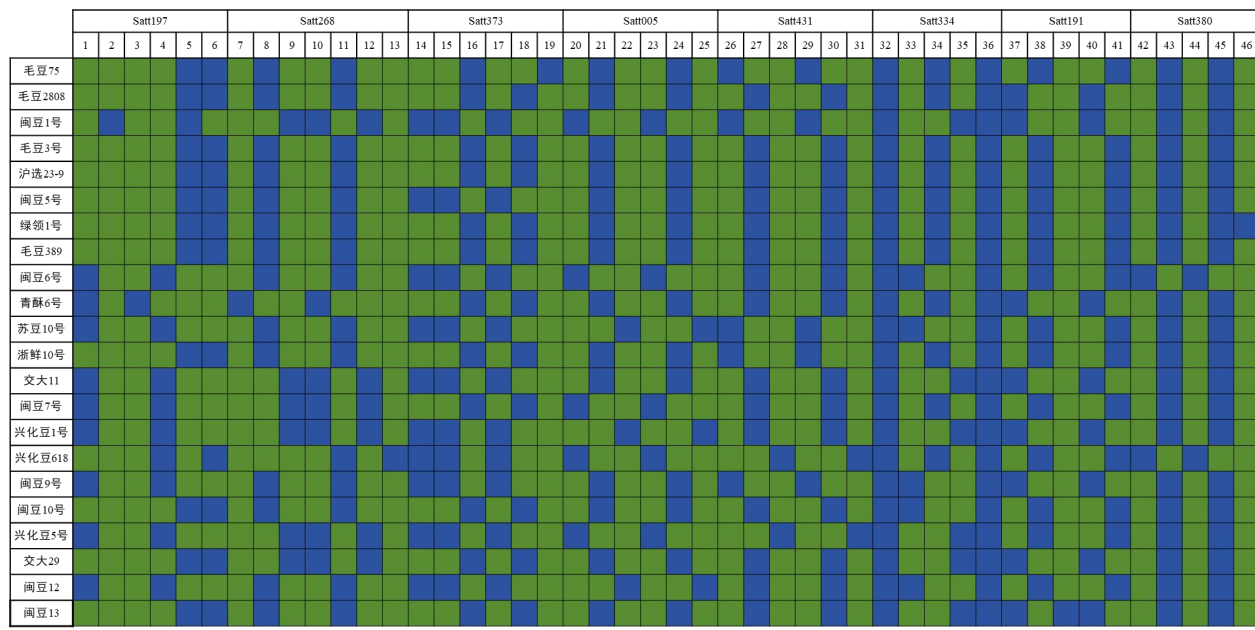
将 43 对 SSR 引物扩增结果转换为“1”和“0”的二元矩阵，其中同一位置有条带记为“1”，无条带记为“0”，以蓝色和绿色方块分别代表“1”和“0”，进行指纹图谱构建。由于不同引物鉴定品种的能力不同，试验中单个引物仅能区分出少数品种，综合考虑在染色体上分布均匀、带型清晰、多态性丰富等主要原则，最终筛选出 Satt197、Satt268、Satt373、Satt005、Satt431、Satt334、Satt191 和 Satt380 引物，并用 8 个引物组合首次建构 22 份福建省菜用大豆审定品种分子指纹图谱（图 4），利用这 8 个引物组合可以区分除毛豆 3 号、沪选 23-9 和毛豆 389 以外的 19 份菜用大豆品种，区分率达 86.36%（表 10）。

表 10 逐个增加 SSR 标记组合对 22 份菜用大豆品种的区别情况

Table 10 Differentiation of the 22 vegetable soybean varieties using SSR marker combinations

引物组合	组合引物数	区分材料数	区分率
Primer combination	Number of primers	Number of distinguished materials	Proportion
Satt197	1	3	13.64%
Satt197+Satt268	2	4	18.18%
Satt197+Satt268+Satt373	3	7	31.82%

Satt197+Satt268+Satt373+Satt005	4	12	54.55%
Satt197+Satt268+Satt373+Satt005+Satt431	5	15	68.18%
Satt197+Satt268+Satt373+Satt005+Satt431+S at334	6	17	77.27%
Satt197+Satt268+Satt373+Satt005+Satt431+S at334+Satt191	7	18	81.82%
Satt197+Satt268+Satt373+Satt005+Satt431+S at334+Satt191+Satt380	8	19	86.36%



蓝色和绿色方块分别代表 1 和 0，数字 1~46 代表不同变异位点

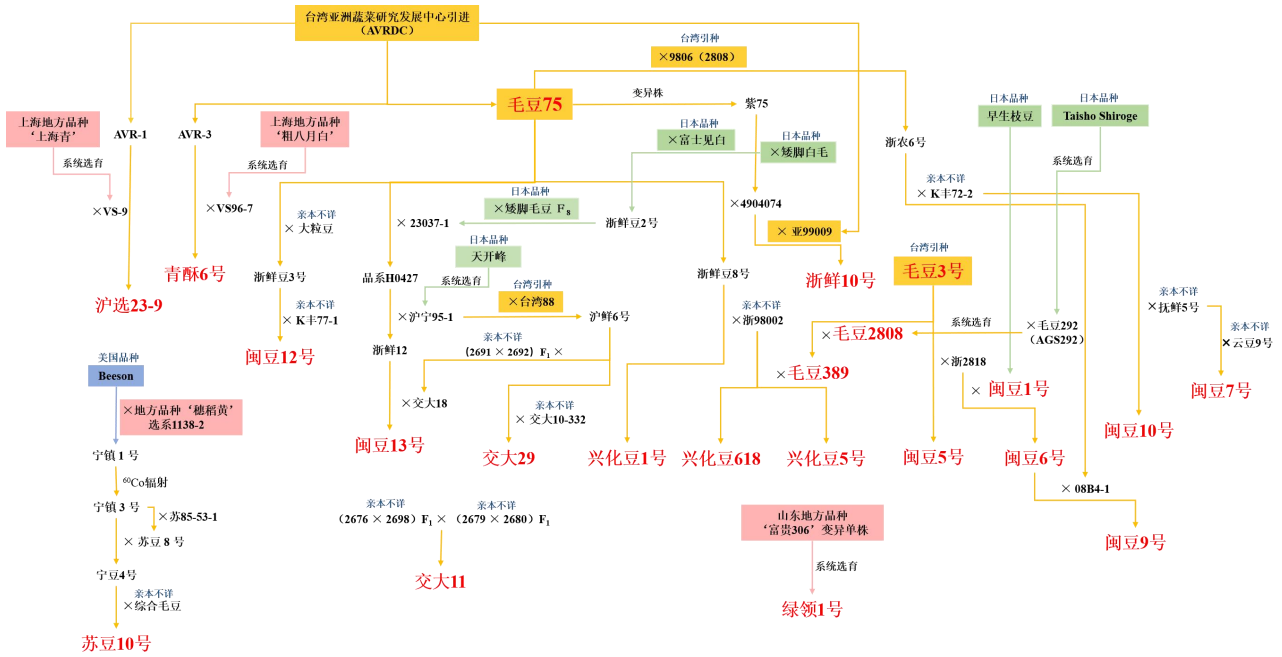
The blue and green squares represent 1 and 0, respectively. Numbers 1-46 represent different polymorphic loci.

图 4 基于 SSR 分子标记构建的 22 份菜用大分子豆指纹图谱

Fig. 4 Fingerprint construction of 22 vegetable soybean varieties using SSR molecular markers

2.7 22 份菜用大豆品种系谱分析

对 22 份菜用大豆进行溯源，发现除苏豆 10 号、交大 11、绿领 1 号、沪选 23-9 和青酥 6 号 5 份品种外，其他 17 份品种在血缘上显示出明显的关联性（图 5）。从亲本来源上来看，供试品种大部分豆含有台湾或日本引进品种的血缘，尤其是含有毛豆 75 的遗传背景，如闽豆 12、闽豆 13、兴化豆 1 号、浙鲜 10 号、闽豆 9 号；部分品种因无法查询到具体亲本信息无法进行溯源，如苏豆 10 号的亲本综合毛豆来源不详，交大 11 的亲本只有品系编号未注明具体来源，沪选 23-9 亲本只知道是引进台湾亚洲蔬菜发展中心。但这些亲本不详的品种在进行分子标记聚类分析时和其他审定品种也聚为 1 个亚类，遗传相似系数大，遗传距离近，如交大 11 和兴化豆 1 号聚为 1 个亚类，沪选 23-9 和毛豆 389 聚为 1 个亚类，表明其亲本间可能存在关联；浙鲜 10 号、绿领 1 号和沪选 23-9 表型和分子标记聚类都聚为 1 个小类，具体原因还有待研究。



红色字体为 22 份审定品种。绿色方框的为日本品种，粉色方块为地方品种，紫色方块为美国品种，黄色方块为台湾引进品种

Red font indicates 22 approved varieties. The green squares represent Japanese varieties, the pink squares represent local varieties, the purple squares represent American varieties, and the yellow squares represent varieties introduced from Taiwan.

图 5 22 份菜用大豆系谱图

Fig. 5 Pedigree chart of 22 vegetable soybean varieties

3 讨论

SSR分子标记技术因其其在遗传分析中的高效性和可靠性^[35]，国际植物新品种保护联盟（International union for the protection of new varieties of plants, UPOV）推荐其作为构建植物DNA指纹图谱的首选方法^[36]。向艳涛等^[8]选用212对SSR标记对中国和日本84的份菜用大豆进行遗传多样性分析，其引物的PIC平均值为0.24；Zhang等^[37]用EST-SSRs标记于评估48份菜用大豆种质的遗传多样性，其PIC均值为0.386。一般而言，PIC值>0.5的SSR标记被认为是高度多态的，而PIC值<0.25则被视为低多态性^[38-40]。本研究选用的43对SSR引物PIC值介于0~0.3729之间，平均值为0.2089，与前人研究结果类似，显示出较低的多态性水平。这可能由于群体中个体亲缘关系近，遗传多样性较低，群体材料较少^[41]，从而降低分子标记的区分能力。为提高区分能力，未来可结合KASP标记、SNP芯片等技术，利用多态性更高的标记体系进行辅助鉴定。尽管如此，本研究选取多态性高、变异位点丰富，扩增条带清晰的位于7条染色体上的8个SSR引物组合构建了19份菜用大豆审定品种DNA指纹图谱，图谱较为精准，有利于对已审定品种的区分与保护。

遗传相似性系数反映不同品种间亲缘关系远近^[42-43]，可为下一步的遗传研究及育种实践提供依据。李琼等^[7]通过对 120 份大豆进行遗传多样性分析，结果表明种质间遗传相似系数为 0.62~0.98；徐海凤等^[44]和李超汉等^[45]基于 SSR 引物对菜用大豆品种（系）进行遗传多样性分析，遗传相似系数的变异范围分别为 0.62~0.88 和 0.57~1.00。本研究中 22 份菜用大豆品种平均遗传相似系数变化范围 0.49~1.00，均值为 0.71，

这与前人研究结果相似，表明菜用大豆品种间遗传差异较小，遗传多样性较低，可能与早期我国菜用大豆品种多从日本和台湾等地引进、亲本来源有限、优良性状的品种被重复利用，从而遗传基础变窄有关^[30]。在遗传相似系数为 0.634 时，22 份品种可以分为 3 个类群。第 I 类中仅包含闽豆 1 号及其衍生品种闽豆 6 号。系谱分析表明，闽豆 1 号是福建省菜用大豆审定品种中唯一一个父母本均源自日本种质的品种，其母本为毛豆 292，由日本品种 Taisho Shiroge 改良而来，曾长期作为国家及福建省菜用大豆区试对照品种，父本早生枝豆为日本早熟、抗病性品种。闽豆 1 号继承母本高产稳产特性（两年区试鲜荚产量比对照增产 14.6%）与父本早熟、抗病基因^[46]，是目前福建省菜用大豆审定品种中唯一表现抗炭疽病的品种。本研究中，闽豆 1 号基于表型性状聚类也单独聚为 1 类，其株高最低，有效分枝最少，每 kg 标准荚数最高，单株粒数最多，具有耐密植潜力，研究表明闽豆 1 号在较高种植密度下表现出较高的产量^[47]。综上，闽豆 1 号不管在表型性状还是遗传背景上都与其他品种差异较大，适合用作改良株型、产量提升及拓宽遗传多样性的亲本，尤其其具有抗炭疽病特性，在我国抗炭疽病品种选育需求和春播菜用大豆缺乏对炭疽病抗性较好品种的背景下^[48]，可以将其用作抗炭疽病品种选育的关键材料。第 II 类为兴化豆 618 和兴化豆 5 号，来源于同一育种单位选用浙 98002 与毛豆 389 为亲本杂交选育而来的姐妹品种，通过分子标记将其聚为 1 类，表明筛选的引物能够较为准确地反映品种间的遗传背景。第 III 类包含剩余的 18 个品种，其中毛豆 75、毛豆 3 号、沪选 23-9、绿领 1 号、毛豆 389、浙鲜 10 号在遗传相似系数 0.934 聚为一个小类，这几个品种遗传相似系数大，亲缘关系近，这可能与这些品种亲本均含有台湾品种的血缘有关。值得关注的是沪选 23-9 与毛豆 389 遗传相似系数为 1，本研究选用 43 对 SSR 引物均无法区分，王彪等^[49]研究表明用 SSR 方法分析大豆遗传变异关系时，只有等位变异数达到一定的范围时，才能真实地反映出品种之间的遗传变异关系，下一步有待通过增加标记类型和数量予以区分。

基于分子标记和表型性状对 22 份菜用大豆品种进行聚类分析，虽然两种方法都将品种划分为三大类，但聚类结果存在明显差异。分子标记聚类偏向将具有共同亲缘的品种划归为 1 类，反映的是亲缘的远近，而表型性状因易受到环境因素影响，有时候无法反映遗传变异的真实情况，基于表型性状的聚类则更多地反映了数量性状的相似性^[50-51]，如兴化豆 618 和兴化豆 5 号具有共同亲本，毛豆 389 为毛豆 3 号的衍生品种，在分子标记聚类中被聚为一类，但在表型性状聚类中却未被划分到一类，两种方法聚类结果的差异反映了即使品种间亲缘关系很近，但后代在表型性状上仍然可产生丰富的遗传变异。另外，本研究虽通过统一化田间管理减少环境干扰，但单一年份数据仍可能引入偏差，尤其株高、单株荚重等性状易受环境影响，后续研究需结合多年多点试验，进一步验证表型性状的稳定性。因此，单纯依靠表型对品种进行划分，无法准确反映品种间的遗传背景，结合分子标记与表型性状对菜用大豆进行遗传多样分析，能够较为客观的反映品种间血缘关系，挖掘品种间丰富的遗传多样性，育种实践中综合考虑这两种方法以提高育种效率。

综上，福建省菜用大豆审定品种间的遗传相似性较高，亲缘关系近，多态性较低，需要引进更多的外

来种质资源，同时挖掘地方优质种质和野生大豆资源，加强菜用大豆种质资源筛，拓宽菜用大豆基因池，将有利于今后新品种的选育和改良。

参考文献

- [1] 郭鲁平. 鲜食大豆主要品质性状形成机制及代谢规律研究[D]. 江苏大学,2022.
Guo L P. Study on the Formation Mechanism and Metabolism Law of Main Quality Traits of Vegetable Soybean[D]. Chinese Master's Theses Full-text Database, 2022.
- [2] 程贤亮,刘昌燕,舒军,杨子薇. 湖北省鲜食大豆产业发展现状及对策. 湖北农业科学,2022, 61(11): 15-18, 43.
Cheng X L, Liu C Y, Shu J, Yang Z W. Development Status and Countermeasures of Vegetable Soybean Industry in Hubei Province. Hubei Agricultural Sciences, 2022, 61(11): 15-18, 43.
- [3] 胡润芳,林栩松,王志纯,张玉梅,林国强. 菜用大豆闽豆 6 号的选育. 福建农业学报,2016, 31(7): 714-718.
Hu R F, Lin X S, Wang Z C, Zhang Y M, Lin G Q. Breeding a Soybean Variety for Vegetable-Mindou No.6 and Its Yield Characteristics. Fujian Journal of Agricultural Sciences, 2016, 31(7): 714-718.
- [4] 张玉梅,蓝新隆,林珊珊,胡润芳,林国强. 菜用大豆新品种闽豆 9 号的选育. 中国蔬菜,2022, (12): 98-100.
Zhang Y M, Lan X L, Lin S S, Hu R F, Lin G Q. A New Vegetable Soybean Variety —‘Mindou No.9’. China Vegetables, 2022(12): 98-100.
- [5] 李清华,陈子琳,林海峰,顾智炜,唐超凡,柯庆明. 2003-2022 年福建省鲜食大豆审定品种系谱及农艺性状分析. 中国种业,2024, (4): 45-51.
Li Q H, Chen Z L, Lin H F, Gu Z W, Tang C F, Ke Q M. Analysis on Agronomic Traits and Pedigree for Fresh Soybean Cultivars Approved in Fujian from 2003 to 2022. China Seed Industry, 2024(4): 45-51.
- [6] 张彩英,李喜焕,常文锁,李之国,权月伟. 应用 SSR 标记分析大豆种质资源的遗传多样性. 植物遗传资源学报,2008, (3): 308-314.
Zhang C Y, Li X H, Chang W S, Li Z G, Quan Y W. Genetic Diversity Analysis of Soybean Germplasm Resources Based on SSR Markers. Journal of Plant Genetic Resources, 2008(3): 308-314.
- [7] 李琼,常世豪,武婷婷,耿臻,杨青春,舒文涛,李金花,张东辉,张保亮. 120 份大豆种质资源遗传多样性和亲缘关系分析. 作物杂志,2021, (4): 51-58.
Li Q, Chang S H, Wu T T, Geng Z, Yang Q C, Shu W T, Li J H, Zhang D H, Zhang B L. Analysis of Genetic Diversity and Genetic Relationship for 120 Soybean Germplasms. Crops, 2021(4): 51-58.
- [8] 向艳涛,刘昌燕,韩雪松,李莉,孙龙清,陈宏伟,沙爱华. 基于 SSR 标记的毛豆种质资源遗传多样性分析. 中国油料作物学报,2024, 46(5): 1029-1039.
Xiang Y T, Liu C Y, Han X S, Li L, Sun L Q, Chen H W, Sha A H. Genetic Diversity Analysis of Vegetable Soybean Germplasm Resources Based on SSR Markers. Chinese Journal of Oil Crop Sciences: 2024, 46(5): 1029-1039.
- [9] 聂波涛,刘德泉,陈健,崔正果,侯云龙,陈亮,邱红梅,王跃强. 北方春大豆品种农艺和品质性状分析与综合评价. 作物学报,2024, 50(9): 2248-2266.
Nie B T, Liu D Q, Chen J, Cui Z G, Hou Y L, Chen L, Qiu H M, Wang Y Q. Analysis and Comprehensive Evaluation of Agronomic and Quality Traits of Spring Soybean Varieties in Northern China. Acta Agronomica Sinica, 2024, 50(9): 2248-2266.
- [10] 林文磊,吕美琴,李明松,施迎迎,康蓉蓉,曾红英. 47 份福建省鲜食春大豆种质资源的遗传分析及综合评价. 福建农业学报,2024, 39(3): 276-289.
Lin W L, Lv M Q, Li M S, Shi Y Y, Kang R R, Zeng H Y. Genetics and Quality of Germplasms of Spring Soybeans for Fresh Consumption. Fujian Journal of Agricultural Sciences, 2024, 39(3): 276-289.
- [11] 范元芳,王娴淑,何芳,吕季娟,陶磊,刘波,郭佳,项超. 四川省大豆种质资源表型性状鉴定及综合评价. 大豆科学,2024, 43(3): 295-302.
Fan Y F, Wang X S, He F, Lv J J, Tao L, Liu B, Guo J, Xiang C. Phenotypic Identification and Evaluation of Soybean Germplasm Resources in Sichuan Province. Soybean Science, 2024, 43(3): 295-302.
- [12] 卜远鹏,刘娜,张古文,冯志娟,王斌,龚亚明,许林英. 菜用大豆种质资源的农艺性状多样性评价及核心种质与食味品质评价体系的构建. 浙江农业学报,2023, 35(6): 1307-1314.
Bu Y P, Liu N, Zhang G W, Feng Z J, Wang B, Gong Y M, Xu L Y. Diversity Evaluation of Agronomic Traits and Construction of Core Collection and Taste Quality Evaluation System in Vegetable Soybean Germplasm Resources. Acta Agriculturae Zhejiangensis, 2023, 35(6): 1307-1314.
- [13] 秦君,张孟臣,陈维元,常汝镇,邱丽娟. 基于分子和表型性状的大豆骨干品种遗传多样性分析. 华北农学报,2013, 28(1): 19-26.
Qin J, Zhang M C, Chen W Y, Chang R Z, Qiu L J. Genetic Diversity Analysis of Soybean Elite Cultivar Basing on Molecular and Phenotype Traits. Acta Agriculturae Boreali-Sinica, 2013, 28(1): 19-26.
- [14] 李红宇,侯昱铭,陈英华,徐正进,陈温福,赵明辉,马殿荣,徐海,王嘉宇. 用 SSR 标记评估东北三省水稻推广品种的遗传多样性. 中国水稻科学,2009,

23(4): 383-390.

Li H Y, Hou Y M, Chen Y H, Xu Z J, Chen W F, Zhao M H, Ma D R, Xu H, Wang J Y. Evaluation on Genetic Diversity of the Commercial Rice Varieties in Northeast China by Microsatellite Markers. *Chinese Journal of Rice Science*, 2009, 23(4): 383-390.

- [15] 徐福荣,董超,杨文毅,张恩来,汤翠凤,阿新祥,杨雅云,张斐斐,戴陆园. 基于表型性状和 SSR 分子标记的云南省水稻主要育成品种(系)的遗传相似性分析. *植物遗传资源学报*,2011, 12(5): 700-708.
- Xu F R, Dong C, Yang W Y, Zhang E L, Tang C F, A X X, Yang Y Y, Zhang F F, Dai L Y. Genetic Similarity Based on SSR Markers and Phenotypic Traits of Major Improved Rice (*Oryza sativa* L.) Varieties in Yunnan Province. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2011, 12(5): 700-708.
- [16] 陶小所,姚晓华,吴昆仑,谢德庆,宋娇,姚有华. 基于表型和基因型的藜麦种质资源遗传多样性分析. *西北农业学报*,2024, 33(5): 798-809.
- Tao X S, Yao X H, Wu K L, Xie D Q, Song J, Yao Y H. Genetic Diversity Analysis of Quinoa Germplasm Resources Based on Phenotype and Genotype. *Acta Agriculturae Boreali-occidentalis Sinica*, 2024, 33(5): 798-809.
- [17] 白晓倩,陈于,张仕杰,赵玉强,王武,朱灿灿. 基于表型性状和 SSR 标记的板栗品种遗传多样性分析及分子身份证构建. *植物遗传资源学报*,2022, 23(4): 972-984.
- Bai X Q, Chen Y, Zhang S J, Zhao Y Q, Wang W, Zhu C C. Genetic Diversity Analysis and Fingerprinting of Chestnut Varieties Based on Phenotypic Traits and SSR Markers. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2022, 23(4): 972-984.
- [18] 王晓映,张方玉,万星,王成琪,刘焱,肖本泽. 基于分子标记和表型性状的水稻地方品种遗传多样性研究. *植物遗传资源学报*,2023, 24(3): 636-647.
- Wang X Y, Zhang F Y, Wan X, Wang C Q, Liu Y, Xiao B Z. Diversity of Rice Landraces Revealed by Molecular Markers and Phenotypic Traits. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2023, 24(3): 636-647.
- [19] 武小霞,崔纪超,钟玉扬,余金姜,颜墩炜,郑建扬. 基于农艺性状和分子标记的甘薯遗传多样性分析及指纹图谱构建. *南方农业学报*,2023, 54(12): 3488-3501.
- Wu X X, Cui J C, Zhong Y Y, Yu J J, Yan D W, Zheng J Y. Genetic Diversity Analysis and Fingerprint Map Construction of Sweet Potato Based on Agronomic Traits and Molecular Markers. *Journal of Southern Agriculture*, 2023, 54(12): 3488-3501.
- [20] 张晓煜,王仕鹏,曹昆山,李旭婧,叶晗,李小玉,汪奎,方玉川,刘柏林. 基于表型性状与 SSR 标记的马铃薯种质资源遗传多样性研究. *西北农业学报*,2024, 33(8): 1436-1447.
- Zhang X Y, Wang S P, Cao K S, Li X J, Ye H, Li X Y, Wang K, Fang Y C, Liu B L. Genetic Diversity Analysis of Potato Germplasm Resources Based on Phenotypic Traits and SSR Markers. *Acta Agriculturae Boreali-occidentalis Sinica*, 2024, 33(8): 1436-1447.
- [21] 秦君,李英慧,刘章雄,栾维江,闫哲,关荣霞,张孟臣,常汝镇,李广敏,马峙英,邱丽娟. 黑龙江省大豆种质遗传结构及遗传多样性分析. *作物学报*,2009, 35(2): 228-238.
- Qin J, Li Y H, Liu Z X, Luan W J, Yan Z, Guan R X, Zhang M C, Chang R Z, Li G M, Ma Z Y, Qiu L J. Genetic Structure and Diversity of Soybean Germplasm in Heilongjiang, China. *Acta Agronomica Sinica*, 2009, 35(2): 228-238.
- [22] 崔艳华,邱丽娟,常汝镇,吕文河. 黄淮夏大豆遗传多样性分析. *中国农业科学*,2004, (1): 15-22.
- Cui Y H, Qiu L J, Chang R Z, Lv W H. A Study of Genetic Diversity of Huanghuai Summer Sowing Soybean in China. *Scientia Agricultura Sinica*, 2004(1): 15-22.
- [23] 李琼,耿臻,杨青春,舒文涛,李金花,常世豪,张东辉,张保亮. 黄淮海 50 份大豆种质资源 SSR 遗传多样性分析. *种子*,2021, 40(8): 39-44,50.
- Li Q, Geng Z, Yang Q C, Su W T, Li J H, Chang S H, Zhang D H, Zhang B L. Genetic Diversity Analysis of 50 Soybean Germplasms in Huanghuaihai Based on SSR. *Seed*, 2021, 40(8): 39-44,50.
- [24] 翟彩娇,葛礼姣,程玉静,仇亮,王小秋,刘水东. 基于表型性状与 SSR 标记的冬瓜、节瓜种质资源遗传多样性分析. *中国农业科学*,2024, 57(17): 3440-3467.
- Zhai C J, Ge L J, Cheng Y J, Qiu L, Wang X Q, Liu S D. Genetic Diversity Analysis of Wax Gourd and Chieh-Qua Germplasm Resources Based on Phenotypic Traits and SSR Markers. *Scientia Agricultura Sinica*, 2024, 57(17): 3440-3467.
- [25] 付阳云,文晓鹏. 菜豆 EST-SSR 分子标记开发及部分种质分子身份证构建. *西南大学学报(自然科学版)*,2024, 46 (06): 63-73.
- Fu Y Y, Wen X P. Development of EST-SSR Marker System for *Phaseolus vulgaris* and Construction of Molecular ID for Some Important Germplasms. *Journal of Southwest University (Natural Science Edition)*, 2024,46 (06):63-73
- [26] 傅旭军,朱丹华,袁凤杰,郁晓敏,朱申龙,杨清华,金杭霞. 鲜食春大豆浙鲜 12 的选育与栽培要点. *浙江农业科学*,2019, 60(2): 224-225.
- Fu X J, Zhu D H, Yuan F J, Yu X M, Zhu S L, Yang Q H, Jin H X. Breeding and Cultivation Techniques of Vegetable Soybean Variety Zhexian 12. *Journal of*

Zhejiang Agricultural Sciences, 2019, 60(2): 224-225.

- [27] 李佰权,朱丹华,傅旭军,朱申龙,袁凤杰,郁晓敏. 菜用大豆浙鲜豆 8 号的选育与栽培技术. 浙江农业科学,2013, (8): 980-982.
Li B Q, Zhu D H, Fu X J, Zhu S L, Yuan F J, Yu X M. Breeding and Cultivation Techniques of Vegetable Soybean Variety Zhejiang Fresh Bean No.8. Zhejiang Agricultural Sciences, 2013, (8): 980-982.
- [28] 龚亚明,胡齐赞,茅国夫,张古文,丁桔,徐盛春. 菜用大豆新品种浙农 6 号的选育. 中国蔬菜,2010, (2): 82-84.
Gong Y M, Hu Q Z, Mao G F, Zhang G W, Ding J, Xu S C. A New Vegetable Soybean Variety —'Zhenong No.6'. China Vegetables, 2010(2): 82-84.
- [29] 朱申龙,傅旭军,朱丹华,李佰权,袁凤杰. 菜用大豆新品种浙鲜豆 4 号的选育. 中国蔬菜,2010, (10): 80-82.
Zhu S L, Fu X J, Zhu D H, Li B Q, Yuan F J. Breeding of Vegetable Soybean Variety —'Zhexiandou No.4'. China Vegetables, 2010(10): 80-82.
- [30] 白琼岩,杨恩庶,冯桂真,张连平,徐淑莲,高银芝,钟连全. 中国菜用大豆研究进展. 中国农学通报,2006, (8): 377-380.
Bai Q Y, Yang E S, Feng G Z, Zhang L P, Xu S L, Gao Y Z, Zhong L Q. Research Advances of China Vegetable Soybean. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2006(8): 377-380.
- [31] 张玉梅,王彪,钟云彭,卢欣欣,武天龙. 早熟大粒毛豆新品种沪鲜 6 号. 长江蔬菜,2015, (5): 14-15.
Zhang Y M, Wang B, Zhong Y P, Lu X X, Wu T L. Early-maturing Large-seed Edamame New Variety HuXian No.6. Changjiang Vegetables, 2015, (5): 14-15.
- [32] 盖钧镒,邱家驹,赵团结. 大豆品种南农 493-1 和南农 1138-2 与其衍生新品种的亲缘关系及其育种价值分析. 南京农业大学学报,1997, (1): 4-11.
Gai J Y, Qiu J X, Zhao T J. An Analysis of Genetic Relation of Nannong 493-1 and Nannong 1138-2 with their Derivative Cultivars and their Potential in Future Breeding. Journal of Nanjing Agricultural University, 1997(1): 4-11.
- [33] 沈克琴,顾和平,范海若. 春大豆新品种宁镇 1 号. 江苏农业科学,1984, (6): 45.
Shen K Q, Gu H P, Fan H R. Spring Soybean New Variety Ningzhen No.1. Jiangsu Agricultural Sciences, 1984, (6): 45.
- [34] 于存浩,王彪,姚陆铭,马晓红,武天龙. 鲜食大豆新品种交大 29 选育及其高产栽培技术. 大豆科技,2022, (3): 55-58.
Yu C H, Wang B, Yao L M, Ma X H, Wu T L. Breeding and Cultivation Technology of New Edamame Cultivar Jiaoda 29. Soybean Science & Technology, 2022(3): 55-58.
- [35] 吴玉珍,黄龙雨,周大云,黄义文,付守阳,彭军,匡猛. 中国棉花审定品种 SSR 指纹库的构建与综合评价. 中国农业科学,2024, 57(8): 1430-1443.
Wu Y Z, Huang L Y, Zhou D Y, Huang Y W, Fu S Y, Peng J, Kuang M. Construction of SSR Fingerprint Library and Comprehensive Evaluation for Approved Cotton Varieties in China. Scientia Agricultura Sinica, 2024, 57(8): 1430-1443.
- [36] 聂兴华,李伊然,田寿乐,王雪峰,苏淑钗,曹庆芹,邢宇,秦岭. 中国板栗品种(系) DNA 指纹图谱构建及其遗传多样性分析. 园艺学报,2022, 49(11): 2313-2324.
Nie X H, Li Y R, Tian S L, Wang X F, Su S C, Cao Q Q, Xing Y, Qin L. Construction of DNA Fingerprint Map and Analysis of Genetic Diversity for Chinese Chestnut Cultivars(Lines). Acta Horticulturae Sinica, 2022, 49(11): 2313-2324.
- [37] Zhang G W, Xu S C, Mao W H, Hu Q Z, Gong Y M. Determination of the Genetic Diversity of Vegetable Soybean [*Glycine max*(L.) Merr.] using EST-SSR Markers. Journal of Zhejiang University-Science B(Biomedicine & Biotechnology), 2013, 14(4): 279-288.
- [38] 朱振东,王化波,王晓鸣,武小菲. 黑龙江省主要栽培大豆品种(系)对大豆疫霉根腐病的多抗性评价. 植物遗传资源学报,2004, (1): 22-25.
Zhu Z D, Wang H B, Wang X M, Wu X F. Response of Soybean Cultivars or Lines Developed in Heilongjiang Province to Five Strains of *Phytophthora sojae*. Journal of Plant Genetic Resources, 2004(1): 22-25.
- [39] 杨洋,郭成,孙素丽,陈国康,朱振东,王晓鸣,段灿星. 玉米抗腐霉茎腐病种质标记基因型鉴定与遗传多样性分析. 植物遗传资源学报,2019, 20(6): 1418-1427.
Yang Y, Guo C, Sun S L, Chen G K, Zhu Z D, Wang X M, Duan C X. Marker-Assisted Identification and Genetic Diversity Analysis of Maize Germplasm Resources with Resistance to *Pythium* Stalk Rot. Journal of Plant Genetic Resources, 2019, 20(6): 1418-1427.
- [40] 陈琼,王兰芬,唐浩,邓超,马莹雪,刘玉兵,赵艳杰,冯艳芳,韩瑞玺,刘明月. 普通菜豆 SSR 分子标记鉴定体系的建立及应用. 植物遗传资源学报,2019, 20(6): 1494-1505.
Chen Q, Wang L F, Tang H, Deng C, Ma Y X, Liu Y B, Zhao Y J, Feng Y F, Han R X, Liu M Y. Establishment and Application of SSR Molecular Marker Identification System for Common Bean(*Phaseolus vulgaris* L.). Journal of Plant Genetic Resources, 2019, 20(6): 1494-1505.
- [41] 吕叶,董青松,陈亮,侯云龙,刘德泉,王跃强,张君,王新风,张玲,于维,邱红梅. 吉林省大豆品种(系)遗传多样性分析. 中国农业大学学报,2024, 29(7): 148-160.

-
- Lv Y, Dong Q S, Chen L, Hou Y L, Liu D Q, Wang Y Q, Zhang J, Wang X F, Zhang L, Yu W, Qiu H M. Genetic Diversity Analysis of the Soybean Varieties/Lines in Jilin Province. *Journal of China Agricultural University*, 2024, 29(7): 148-160.
- [42] 唐玉娟,罗世杏,黄国弟,宋恩亮,李日旺,赵英,张宇,莫永龙,唐莹莹. 基于 SSR 荧光标记的杠果种质资源遗传多样性分析及分子身份证构建. *热带作物学报*,2023, 44(11): 2292-2304.
- Tang Y J, Luo S X, Huang G D, Song E L, Li R W, Zhao Y, Zhang Y, Mo Y L, Tang Y Y. Genetic Diversity Analysis and Molecular ID Construction of Mango Germplasm Based on SSR Fluorescence Markers. *Chinese Journal of Tropical Crops*, 2023, 44(11): 2292-2304.
- [43] 王健胜,侯桂玲,王二伟,马爱锄,程世平. 基于 SSR 标记的 100 份国内外小麦种质遗传多样性分析及 DNA 指纹图谱构建. *山东农业科学*,2023, 55(9): 17-24.
- Wang J S, Hou G L, Wang E W, Ma A C, Cheng S P. Genetic Diversity Analysis and DNA Fingerprint Construction of 100 Wheat Germplasms from Home and Abroad Based on SSR Markers. *Shandong Agricultural Sciences*, 2023, 55(9): 17-24.
- [44] 徐海风,杨加银,程保山. 26 份菜用大豆品种 (系) 指纹图谱的构建及其遗传多样性分析. *江苏农业科学*,2014, 42(5): 145-148.
- Xu H F, Yang J Y, Cheng B S. Construction of Fingerprint and Genetic Diversity Analysis of 26 Vegetable Soybean Cultivars (Lines). *Jiangsu Agricultural Sciences*, 2014, 42(5): 145-148.
- [45] 李超汉,朱丽华,李青竹,杨红娟,宋荣浩,顾卫红. 崇明岛地方菜用大豆指纹图谱构建及遗传多样性分析. *分子植物育种*,2019, 17(7): 2246-2257.
- Li C H, Zhu L H, Li Q Z, Yang H J, Song R H, Gu W H. Fingerprint Establishment and Genetic Diversity Analysis of Local Vegetable Soybean Cultivars in Chongming Island. *Molecular Plant Breeding*, 2019, 17(7): 2246-2257.
- [46] 胡润芳,林国强,陈志雄,张弼,滕振勇,陆佩兰. 菜用大豆新品种闽豆 1 号的选育及高产稳产特性. *福建农业学报*, 2007, (03):328-331.
- Hu R F, Lin G Q, Chen Z X, Zhang S, Teng Z Y, Lu P L. Breeding and Characteristics of the High and Steady Yield Vegetable Soybean, Mindou 1. *Fujian Journal of Agricultural Sciences*, 2007, (03):328-331.
- [47] 齐国强,钟建伟,滕振勇,陆佩兰,胡润芳,林国强. 菜用大豆“闽豆 1 号”播期与密度优化配置的研究. *江西农业学报*, 2007, (10): 12-15.
- Qi G Q, Zhong J W, Teng Z Y, Lu P L, Hu R F, Lin G Q. Optimized Disposition of Sowing Dates and Planting Densities for Vegetable Soybean Variety “Mindou 1”. *Acta Agriculturae Jiangxi*, 2007, (10): 12-15.
- [48] 石姐姐,杜宜新,何艳琴,阮宏椿,滕振勇,甘林,连金番,杨中路,陈福如. 中国 590 份大豆种质资源对炭疽病的抗性鉴定及评价. *福建农业学报*, 2021, 36(01): 41-52.
- Shi N N, Du Y X, He Y Q, Ruan H C, Teng Z Y, Gan L, Lian J F, Yang Z L, Chen F R. Assessment on Anthracnose-resistance of 590 Soybean Cultivars in China. *Fujian Journal of Agricultural Sciences*, 2021, 36(01): 41-52.
- [49] 王彪,常汝镇,陶莉,关荣霞,闫丽,张明恢,冯忠孚,邱丽娟. 分析中国栽培大豆遗传多样性所需 SSR 引物的数目. *分子植物育种*, 2003, (01): 82-88.
- Wang B, Chang R Z, Tao L, Guan R X, Yan L, Zhang M H, Feng Z F, Qiu L J. Identification of SSR Primer Numbers for Analyzing Genetic Diversity of Chinese Soybean Cultivated Soybean. *Molecular Plant Breeding*, 2003, (01): 82-88.
- [50] 朱燕蕾,郭凤根. 基于表型性状和 ISSR 标记的厚叶栒子遗传多样性分析. *云南农业大学学报: 自然科学版*, 2020, 35(4): 693-699.
- Zhu Y L, Guo F G. Genetic Diversity Analysis of *Cotoneaster coriaceus* Based on Phenotypic Traits and ISSR Marker. *Journal of Yunnan Agricultural University(Natural Science)*, 2020, 35(4): 693-699.
- [51] 张强强,梁赛,王艳,贾利,方凌,张其安,江海坤,隋益虎,董言香. 基于表型性状和 SSR 标记的 57 份辣椒种质遗传多样性分析. *热带亚热带植物学报*,2020, 28(4): 356-366.
- Zhang Q Q, Liang S, Wang Y, Jia L, Fang L, Zhang Q A, Jiang H K, Sui Y H, Dong Y X. Genetic Diversity Analysis of 57 Germplasms of *Capsicum annuum* Based on Phenotypic Traits and SSR Markers. *Journal of Tropical and Subtropical Botany*, 2020, 28(4): 356-366