

# 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<sup>1</sup>, 颜墩炜<sup>1</sup>, 刘雨杭<sup>2</sup>, 陈盈妹<sup>2</sup>, 顾智炜<sup>1</sup>, 陈子琳<sup>1</sup>, 林海峰<sup>1</sup>, 柯庆明<sup>1</sup>, 贾琪<sup>2</sup>  
(<sup>1</sup>莆田市农业科学研究所, 福建莆田 351106; <sup>2</sup>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, 福州 350002)

**摘要:** 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30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, 平均多样性指数为0.494, 19个数量性状变异系数变幅为3.44%–50.60%, 平均多样性指数为1.934, 表明整体具有丰富的表型遗传多样性。30对SSR分子标记共检测到122个等位变异, 等位变异数和有效等位变异数平均值分别为4.0667和2.7013, 平均Nei's基因多样性指数为0.5691, 平均Shannon's多态性信息指数为1.0479, 多态信息含量变幅为0.0830–0.7319, 平均为0.5262, 其中Satt184引物的多态信息含量最高。22个品种间的遗传相似系数为0.3301–1.0000, 平均为0.6341, 其中沪选23-9与毛豆389之间的遗传相似数最大, 青酥6号与闽豆1号间的遗传相似系数最小。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一类, 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, 适合作杂交亲本。综合考虑标记在染色体上分布、带型清晰度、多态等原则, 筛选出9对引物Satt197、Satt442、Satt268、Satt005、Satt431、Satt334、Satt556、Sat\_112和Satt487, 构建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沪选23-9、毛豆389和浙鲜10号以外的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别与保护。

**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 Qinghua<sup>1</sup>, YAN Dunwei<sup>1</sup>, LIU Yuhang<sup>2</sup>, CHEN Yingmei<sup>2</sup>, GU Zhiwei<sup>1</sup>,  
CHEN Zilin<sup>1</sup>, LIN Haifeng<sup>1</sup>, KE Qingming<sup>1</sup>, JIA Qi<sup>2</sup>

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

**Abstract:** In this study, genetic diversity analysis and the construction of a molecular fingerprinting map were performed for 22 vegetable soybean varieties approved in Fujian province from 2003 to 2022, basing on 26 phenotypic traits and 30 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 of 0.494. The variation coefficients of the 19 quantitative traits ranged from 3.44% to 50.60%, with an

收稿日期: 2025-02-18 网络出版日期: 2025-03-31

URL: <https://doi.org/10.13430/j.cnki.jpgr.20250218002>

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, 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(2024J01380); 莆田市科技计划项目—技术开发与应用(2023NJ002)

**Foundation projects:** General Program of 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); General Program of the Natural Science Foundation of Fujian Province (2024J01380); Putian Science and Technology Project-Technology Development and Application (2023NJ002)

average diversity index of 1.934, indicating rich phenotypic genetic diversity. A total of 122 alleles were detected with 30 pairs of SSR molecular markers, the average number of alleles and effective number of alleles were 4.0667 and 2.7013. The average Nei's gene diversity index was 0.5691, and the average Shannon's polymorphism information index was 1.0479. The polymorphism information content varied from 0.0830 to 0.7319, with an average of 0.5262. The Satt184 maker demonstrated the highest polymorphism information content. The genetic similarity coefficient among the 22 varieties ranged from 0.3301 to 1.0000, with an average of 0.6341. The highest genetic similarity coefficient was observed between Huxuan 23-9 and Maodou 389, whereas the lowest coefficient was found between Qingshu No.6 and Mindou No.1. 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, nine SSR makers (Satt197, Satt442, Satt268, Satt005, Satt431, Satt334, Satt556, Satt112 and Satt487) 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 Huxuan 23-9, Maodou 389 and Zhexian No.10. 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,又称毛豆,是指大豆生长到R6~R7(鼓粒盛期~成熟初期)时采青菜作菜用的大豆专用型品种,含有高蛋白、低脂肪和易被人体吸收利用的多种游离氨基酸、维生素<sup>[1]</sup>,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<sup>[2]</sup>。福建省作为传统的菜用大豆生产和消费大省,长期以来在生产上应用的品种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<sup>[3-4]</sup>。截至2022年,通过福建省审定的菜用大豆品种共22个,其中本省自主选育品种15个<sup>[5]</sup>。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。

分子标记分析和表型性状分析是两种常用来研究作物遗传多样性的方法,前人利用SSR分子标记对大豆种质进行遗传多样性分析,结果表明大豆种质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

系远的种质的利用<sup>[6-8]</sup>。聂波涛等<sup>[9]</sup>、林文磊等<sup>[10]</sup>、范元芳等<sup>[11]</sup>和卜远鹏等<sup>[12]</sup>通过对大豆种质资源主要农艺性状进行分析与综合评价,发现不同大豆品种存在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或分子标记鉴定方法均有其自身的局限性,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<sup>[13-16]</sup>。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<sup>[17]</sup>、水稻<sup>[18]</sup>、裸大麦<sup>[19]</sup>、马铃薯<sup>[20]</sup>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<sup>[21]</sup>和崔艳华等<sup>[22]</sup>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准确地评估种质资源的遗传多样性。

为服务于福建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 30 对 SSR 分子标记进行遗传多样性分析及分子指纹图谱构建,旨在挖掘福建菜用大豆丰富的遗传变异信息,为高效利用种质资源和创制优良新品种提供科学依据。

表 1 22 份福建省菜用大豆审定品种来源

Table 1 Sources of 22 vegetable soybean varieties registered in Fujian province

| 序号<br>No. | 品种名称<br>Variety name | 审定编号<br>Approved No. | 亲本来源<br>Parental origin                              | 育种单位<br>Breeding institution |
|-----------|----------------------|----------------------|--|------------------------------|
| 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          | 台湾省引进  | 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 <sub>1</sub> /(2679/2680)F <sub>1</sub> | 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 材料与方法

### 1.1 试验材料

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。

## 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, 各品种采收期为 6 月 23 日至 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/hm<sup>2</sup>, 花荚期施三元复合肥(15:15:15) 150 kg/hm<sup>2</sup>, 播种后浇足底墒水, 花荚期保持土壤相对含水量在 70%~80%。

**1.2.2 表型性状调查** 参照福建省菜用大豆区域试验记载标准进行田间观察, 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赋值(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、主茎节数、有效分枝数、底荚高度、二粒以上标准荚数、标准荚长、标准荚宽、单荚粒数、鲜百粒重、每千克标准荚数、单株荚重、单株总荚数、单株有效荚数、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 3 44 对 SSR 引物信息

Table 3 Information for 44 pairs of SSR primers

| 引物<br>Primer | 连锁群<br>Linkage<br>group | 染色体<br>Chromosome | 正向引物序列(5'-3')<br>Forward primer sequence(5'-3') | 反向引物序列(5'-3')<br>Reverse primer sequence(5'-3') |
|--------------|-------------------------|-------------------|---|---|
| Satt300      | A1                      | Gm05              | GCGCCACACAACCTTTAATCTT                          | GCGGCGACTGTTAACGTGTC                            |
| Satt429      | A2                      | Gm08              | GCGACCATCATCTAATCACAATCTACTA                    | TCCCCATCATTATCGAAAATAATAATT                     |
| Satt197      | B1                      | Gm11              | CACTGCTTTTTCCCTCTCT                             | AAGATACCCCAACATTATTGTGAA                        |
| Satt556      | B2                      | Gm14              | GCGATAAAACCCGATAAATAA                           | GCGTTGTGCACCTTGTTTTCT                           |
| Satt100      | C2                      | Gm06              | ACCTCATTTTTGGCATAAA                             | TGGGAAAACAAGTAATAATAACA                         |
| Satt267      | D1a                     | Gm01              | CCGGTCTGACCTATTCTCAT                            | CACGGCGTATTTTTATTTTG                            |
| Satt005      | D1b                     | Gm02              | TATCCTAGAGAAGAATAAAAAA                          | GTCGATTAGGCTTGAATA                              |
| Satt514      | D2                      | Gm17              | GCGCCAACAAATCAAGTCAAGTAGAAAT                    | GCGGTCATCTAATTAATCCCTTTTTGAA                    |
| Satt268      | E                       | Gm15              | TCAGGGGTGGACCTATATAAAATA                        | CAGTGGTGGCAGATGTAGAA                            |
| Satt334      | F                       | Gm13              | GCGTTAAGAATGCATTATGTTTAGTC                      | GCGAGTTTTGGTTGGATTGAGTTG                        |
| Satt191      | G                       | Gm18              | CGCGATCATGTCTCTG                                | GGGAGTTGGTGTTCCTTGTC                            |
| Satt218      | F                       | Gm13              | TCAATCAACAAAAACATAATTCTTC                       | ATTTGTGTTTTGTTTAGCTCTCTA                        |

表 2 质量性状赋值

Table 2 Assignment of values to qualitative traits

| 性状<br>Traits | 赋值<br>Assignment of values |
|--------------|----------------------------|
| 幼茎色 SSC      | 绿色=1, 紫色=2                 |
| 叶型 LS        | 椭圆=1, 卵圆=2                 |
| 花色 FC        | 白=1, 紫=2                   |
| 种皮色 SC       | 淡绿=1, 淡黄=2                 |
| 脐色 HC        | 无色=1, 浅黄=2, 淡褐=3, 蓝黑=4     |
| 株型 PT        | 中间型=1, 收敛型=2               |
| 荚形 PS        | 弯月型=1, 中间型=2               |

SSC: Seedling stem color; LS: Leaf shape; FC: Flower color; SC: Seed color; HC: Hulim color; PT: Plant type; PS: Pod shape; The same as below

**1.2.3 DNA 的提取** 待菜用大豆生长至两叶一心时采集鲜嫩叶片, 按照 CTAB 法<sup>[8]</sup>提取 DNA。

**1.2.4 SSR 引物设计及筛选** 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, 选取均匀分布在 20 条染色体且已报道的 44 对 SSR 引物<sup>[7, 23]</sup>(表 3) 进行多态性引物筛选, 根据聚丙烯酰胺凝胶电泳结果, 从中筛选出扩增条带清晰、特异性强、且在预期片段大小范围内稳定扩增的 30 对引物, 用于后续遗传多样性分析。SSR 引物由福州尚亚生物技术有限公司合成。

表 3 (续)

| 引物<br>Primer | 连锁群<br>Linkage<br>group | 染色体<br>Chromosome | 正向引物序列(5'-3')<br>Forward primer sequence(5'-3') | 反向引物序列(5'-3')<br>Reverse primer sequence(5'-3') |
|--------------|-------------------------|-------------------|---|---|
| Satt380      | J                       | Gm16              | GCGAGTAACGGTCTTCTAACAAGGAAAG                    | GCGTGCCCTTACTCTCAAAAAAAAAA                      |
| Satt462      | L                       | Gm19              | GCGGTCACGAATACAAGATAAATAATGC                    | GCGTGCATGTCAGAAAAAATCTCTATAA                    |
| Satt588      | K                       | Gm09              | GCTGCATATCCACTCTCATTGACT                        | GAGCCAAAACCAAAGTGAAGAAC                         |
| Satt567      | M                       | Gm07              | GGCTAACCCGCTCTATGT                              | GGGCCATGCACCTGCTACT                             |
| Satt022      | N                       | Gm03              | GGGGGATCTGATTGTATTTTACCT                        | CGGGTTTCAAAAAACCATCCTTAC                        |
| Satt487      | O                       | Gm10              | ATCACGGACCAGTTCATTGA                            | TGAACCGGTATTCTTTTAATCT                          |
| Satt236      | A1                      | Gm05              | GCGTGCTTCAAACCAACAAACAACCTTA                    | GCGGTTTGCAGTACGTACCTAAAATAGA                    |
| Satt453      | B1                      | Gm11              | GCGGAAAAAAAAACAATAACAACA                        | TAGTGGGGAAGGGAAGTTACC                           |
| Satt168      | B2                      | Gm14              | CGCTTGCCCAAAAATTAATAGTA                         | CCATTCTCCAACCTCAATCTTATAT                       |
| Satt180      | C1                      | Gm04              | TCGCGTTTGTGACG                                  | TTGATTGAAACCCAACCTA                             |
| Satt092      | D2                      | Gm17              | AATTGAGTGAACTTATAAGAATTAGTC                     | AAATAAGTAGGATGCTTGACAAA                         |
| Sat_112      | E                       | Gm15              | TGTGACAGTATACCGACATAATA                         | CTACAAATAACATGAAATATAAGAAATA                    |
| Satt193      | F                       | Gm13              | GCGTTTCGATAAAAAATGTTACACCTC                     | TGTTTCGATTATTGATCAAAAAAT                        |
| Satt288      | G                       | Gm18              | GCGGGGTGATTTAGTGTGTTGACACCT                     | GCGCTTATAATTAAGAGCAAAAAGAAG                     |
| Satt442      | H                       | Gm12              | CCTGGACTTGTGTTGCTCATCAA                         | GCGGTTCAAGGCTTCAAGTAGTCAC                       |
| Satt330      | I                       | Gm20              | GCGCCTCCATTCCACAACAAATA                         | GCGGCATCCGTTTCTAAGATAGTTA                       |
| Satt431      | J                       | Gm16              | GCGTGGCACCCCTTGATAAATAA                         | GCGCACGAAAGTTTTTCTGTAACA                        |
| Satt242      | K                       | Gm09              | GCGTTGATCAGGTCGATTTTTATTGTT                     | GCGAGTGCCAACTAACTACTTTTATGA                     |
| Satt373      | L                       | Gm19              | TCCGCGAGATAAATTCGTAATAA                         | GGCCAGATACCAAGTTGTACTTGT                        |
| Satt551      | M                       | Gm07              | GAATATCACGCGAGAATTTTAC                          | TATATGCGAACCCCTCTTACAAT                         |
| Sat_084      | N                       | Gm03              | AAAAAAGTATCCATGAAACAA                           | TTGGGACCTTAGAAGCTA                              |
| Satt345      | O                       | Gm10              | CCCCTATTTCAAGAGAATAAGGAA                        | CCATGCTCTACATCTTCATCATC                         |
| Satt509      | B1                      | Gm11              | GCGCTACCGTGTGGTGGTGTGCTACCT                     | GCGCAAGTGGCCAGCTCATCTATT                        |
| Satt415      | B1                      | Gm11              | GCGTCTCCCTTAATCTTCAAGC                          | GCGTGTGACGGTTCAAAATGATAGTT                      |
| Satt271      | D1b                     | Gm02              | GTTGCAGTTGTGCGTGGGAGAGAG                        | GCGACATAGCTAATTAAGTAAGTT                        |
| Satt579      | D1b                     | Gm02              | GCGATTGGTTATTCTGATTAATAA                        | GCGGTTACGAAAATCGTAAATTGATG                      |
| Satt542      | D1b                     | Gm02              | CACCAGCACAGAACAATCATT                           | CACGGTCTAACCTTTCTTCTA                           |
| Satt600      | D1b                     | Gm02              | GCGCAGGAAAAAAAAAACGCTTTTATT                     | GCGCAATCCACTAGGTGTTAAT                          |
| Satt216      | D1b                     | Gm02              | TACCCCTAATCACCGGACAA                            | AGGGAACCTAACACATTTAATCATCA                      |
| Satt230      | E                       | Gm07              | CCGTCACCGTTAATAAAAATAGCAT                       | CTCCCCAAATTTAACCTTAAAGA                         |
| Satt548      | D1a                     | Gm01              | GCGGGTTAAGTCTCCTTTTGAACA                        | GCGCCAATTAATCCATCATTAATCAG                      |
| Satt184      | D1a                     | Gm01              | GCGCTATGTAGATTATCCAAATTACGC                     | GCCACTTACTGTTACTCAT                             |

**1.2.5 PCR 扩增** 采用 10  $\mu$ L PCR 反应体系: 2 $\times$  Taq PCR Mix 预混液 5  $\mu$ L, 2  $\mu$ mol/L 正、反向引物各 0.25  $\mu$ L, DNA 模板 0.5  $\mu$ L, ddH<sub>2</sub>O 4  $\mu$ 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) 退火 30 s, 72 $^{\circ}$ C 30 s, 40 个循环; 72 $^{\circ}$ C 延伸 5 min。PCR 产物通过 6% 非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳分离。

### 1.3 数据分析

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( $H'$ , genetic diversity index)。参考翟彩娇等<sup>[24]</sup>的方法,根据参试材料某一性状的总体平均数( $\bar{X}$ )和标准差( $\sigma$ ),将性状从第1级( $X_i < \bar{X} - 2\sigma$ )到第10级( $X_i \geq \bar{X} + 2\sigma$ )划分为10个等级,每级相差 $0.5\sigma$ ,每一级中观察值个体数相对于总个数的比例用于计算遗传多样性指数, $H' = -\sum P_i \ln P_i$ ,其中 $P_i$ 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并作图。

通过聚丙烯酰胺凝胶电泳结果,在每个引物中,仅将条带清晰且在目的片段范围内的主条带判定为该个体的等位变异并进行记录。同一位置有条带赋值“1”,无条带赋值“0”,利用DataFormater软件将“0/1”数据转换后,用Popgene 32软件计算SSR分子标记的等位变异数( $N_a$ , observed number of alleles)、有效等位变异数( $N_e$ , effective number of

alleles)、Nei's基因多样性指数( $H_e$ , Nei's gene diversity)、Shannon's多态性信息指数( $I$ , Shannon's information index)<sup>[19]</sup>,利用PowerMarker软件计算SSR分子标记多态性信息含量(PIC, polymorphism information content),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聚类分析,构建树状聚类图<sup>[25]</sup>。在Microsoft Excel 2019软件中,使用“0/1”数据组成的指纹编码绘制指纹图谱。

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过程<sup>[26-34]</sup>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(表4),发现幼茎色与花色二者高度关联,紫茎品种

表4 22份菜用大豆品种质量性状

Table 4 Qualitative traits of 22 vegetable soybean varieties

| 序号<br>No. | 品种名称<br>Variety name | 幼茎色<br>SSC | 叶型<br>LS | 花色<br>FC | 种皮色<br>SC | 脐色<br>HC | 株型<br>PT | 荚形<br>PS |
|-----------|----------------------|------------|----------|----------|-----------|----------|----------|----------|
| 1         | 毛豆75                 | 1          | 1        | 1        | 1         | 1        | 1        | 1        |
| 2         | 毛豆2808               | 2          | 1        | 2        | 2         | 1        | 2        | 2        |
| 3         | 闽豆1号                 | 1          | 1        | 1        | 2         | 2        | 2        | 2        |
| 4         | 毛豆3号                 | 1          | 1        | 1        | 1         | 2        | 2        | 2        |
| 5         | 沪选23-9               | 1          | 1        | 1        | 1         | 2        | 1        | 1        |
| 6         | 闽豆5号                 | 1          | 1        | 1        | 1         | 2        | 2        | 1        |
| 7         | 绿领1号                 | 1          | 2        | 1        | 1         | 2        | 1        | 1        |
| 8         | 毛豆389                | 1          | 1        | 1        | 1         | 2        | 2        | 2        |
| 9         | 闽豆6号                 | 1          | 1        | 1        | 1         | 2        | 2        | 1        |
| 10        | 青酥6号                 | 2          | 1        | 2        | 1         | 4        | 2        | 2        |
| 11        | 苏豆10号                | 1          | 1        | 1        | 1         | 2        | 2        | 2        |
| 12        | 浙鲜10号                | 1          | 1        | 1        | 1         | 2        | 2        | 2        |
| 13        | 交大11                 | 1          | 1        | 1        | 1         | 2        | 2        | 2        |
| 14        | 闽豆7号                 | 1          | 1        | 1        | 1         | 2        | 2        | 2        |
| 15        | 兴化豆1号                | 1          | 1        | 1        | 1         | 2        | 2        | 2        |
| 16        | 兴化豆618               | 1          | 1        | 1        | 2         | 3        | 2        | 2        |
| 17        | 闽豆9号                 | 2          | 1        | 2        | 1         | 2        | 2        | 1        |
| 18        | 闽豆10号                | 2          | 1        | 2        | 1         | 2        | 2        | 1        |
| 19        | 兴化豆5号                | 1          | 1        | 1        | 1         | 1        | 2        | 1        |
| 20        | 交大29                 | 1          | 1        | 1        | 1         | 2        | 2        | 2        |
| 21        | 闽豆12                 | 2          | 1        | 2        | 1         | 2        | 2        | 2        |
| 22        | 闽豆13                 | 1          | 1        | 1        | 1         | 2        | 2        | 2        |

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 22.73%;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,

蓝黑和淡褐色仅各有 1 个品种。所调查的质量性状共有 16 种变异类型,22 份材料平均遗传多样性指数为 0.494,其中脐色遗传多样性指数最高,为 0.752,存在 4 种变异类型;荚形次之,遗传多样性指数为 0.655,存在 2 种变异类型;其他质量性状均存在 2 种变异类型,遗传多样性指数为 0.185~0.536(表 5)。

表 5 质量性状遗传多样性分析

Table 5 Genetic diversity analysis of qualitative traits

| 性状<br>Traits | 品种数量 Number of varieties |    |   |   | 频次分布(%) Frequency distribution |      |     |     | 遗传多样性指数<br>$H'$ |
|--------------|--------------------------|----|---|---|--------------------------------|------|-----|-----|-----------------|
|              | 1                        | 2  | 3 | 4 | 1                              | 2    | 3   | 4   |                 |
| 幼茎色 SSC      | 17                       | 5  | - | - | 77.3                           | 22.7 | -   | -   | 0.536           |
| 叶型 LS        | 21                       | 1  | - | - | 95.5                           | 4.5  | -   | -   | 0.185           |
| 花色 FC        | 17                       | 5  | - | - | 77.3                           | 22.7 | -   | -   | 0.536           |
| 种皮色 SC       | 19                       | 3  | - | - | 86.4                           | 13.6 | -   | -   | 0.398           |
| 脐色 HC        | 3                        | 17 | 1 | 1 | 13.6                           | 77.3 | 4.5 | 4.5 | 0.752           |
| 株型 PT        | 3                        | 19 | - | - | 13.6                           | 86.4 | -   | -   | 0.398           |
| 荚形 PS        | 8                        | 14 | - | - | 36.4                           | 63.6 | -   | -   | 0.655           |

- : 无数据

- : No data

通过对 22 份菜用大豆的数量性状进行分析(表 6),发现其变异系数在 3.44%~50.60%之间,说明 22 份品种间存在着丰富的变异类型。单、双、三粒荚果数和单株秕荚数以及有效分枝数变异系数均大于 20%,其中单株秕荚数变异系数最大,为 50.60%。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 $\leq$ 80 d,属于中早熟品种。在株型相关性状中,株高、茎粗、主茎节数、有效分枝数和底荚高度的变异系数均大于 10%,标准

荚长与标准荚宽的变异系数相对较小,低于 10%。在产量相关性状方面,二粒以上标准荚数、单株荚重、单株总荚数和单株有效荚数的变异系数均超过 10%,但鲜百粒重、单荚粒数和每千克标准荚数的变异系数则较小,均在 10% 以下。数量性状遗传多样性指数平均值为 1.9340,双粒荚果数遗传多样性指数最低,为 1.5775;鲜百粒重遗传多样性指数最高,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<br>Quantitative traits | 平均值 $\pm$ 标准差<br>Mean $\pm$ SD | 变异系数(%)<br>CV | 变异幅度<br>Range | 遗传多样性指数<br>$H'$ |
|-----------------------------|--------------------------------|---------------|---------------|-----------------|
| 采收日数(d)DH                   | 77.95 $\pm$ 2.68               | 3.44          | 73.00~84.00   | 1.8048          |
| 株高(cm)PH                    | 29.89 $\pm$ 5.61               | 18.78         | 23.58~45.92   | 1.6933          |
| 茎粗(mm)SD                    | 6.21 $\pm$ 0.66                | 10.56         | 5.06~7.13     | 1.6974          |
| 主茎节数 NNMS                   | 8.15 $\pm$ 1.02                | 12.46         | 6.75~10.50    | 1.6805          |
| 有效分枝数 EBN                   | 2.84 $\pm$ 0.71                | 25.13         | 1.67~4.17     | 2.0476          |
| 底荚高度(cm)PHB                 | 6.59 $\pm$ 1.27                | 19.30         | 4.58~10.33    | 1.8070          |
| 二粒以上标准荚数 NSP                | 23.33 $\pm$ 4.54               | 19.45         | 17.33~33.33   | 2.1726          |
| 标准荚长(cm)SPL                 | 5.42 $\pm$ 0.33                | 6.00          | 4.81~6.15     | 1.9639          |
| 标准荚宽(cm)SPW                 | 1.38 $\pm$ 0.06                | 4.28          | 1.29~1.51     | 2.0507          |
| 单荚粒数 NSPP                   | 1.89 $\pm$ 0.11                | 5.90          | 1.69~2.18     | 1.8833          |
| 鲜百粒重(g)FWHG                 | 71.19 $\pm$ 4.95               | 6.95          | 60.66~82.62   | 2.1871          |

表6(续)

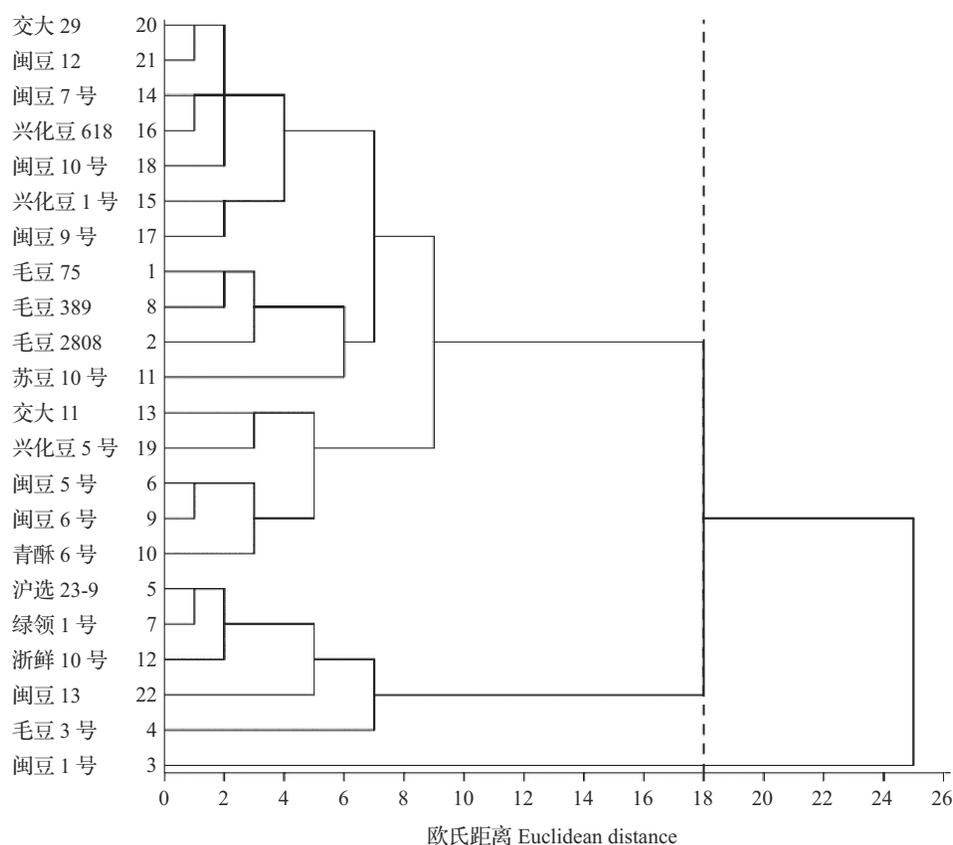
| 数量性状<br>Quantitative traits | 平均值±标准差<br>Mean±SD | 变异系数(%)<br>CV | 变异幅度<br>Range | 遗传多样性指数<br>H' |
|-----------------------------|--------------------|---------------|---------------|---------------|
| 每千克标准荚数 SPPK                | 349.55±25.96       | 7.43          | 290.00~398.00 | 2.0620        |
| 单株荚重(g)PWPP                 | 78.55±9.44         | 12.02         | 60.17~95.00   | 1.8964        |
| 单株总荚数 PNPP                  | 34.76±6.07         | 17.46         | 26.25~45.75   | 2.1520        |
| 单株有效荚数 NEPP                 | 32.48±5.86         | 18.04         | 25.00~44.33   | 2.1282        |
| 单株秕荚数 NEmPP                 | 2.28±1.15          | 50.60         | 0.83~4.50     | 1.7810        |
| 单粒荚果数 NSSP                  | 8.78±1.92          | 21.83         | 5.42~12.50    | 2.0238        |
| 双粒荚果数 NDSP                  | 18.99±5.49         | 28.93         | 12.25~30.42   | 1.5775        |
| 三粒荚果数 NTSP                  | 4.68±2.09          | 44.58         | 1.75~10.67    | 2.1373        |

DH: Days of harvesting; PH: Plant height; SD: Stem diameter; NNMS: Number of nodes on main stem; EBN: Effective branch number; PHB: Pod height at bottom; NSP: Number of standard pods; SPL: Standard pod length; SPW: Standard pod width; NSPP: Number of seed per pod; FWHG: Fresh weight of 100 grains; SPPK: Standard pods per kg; PWPP: Pod weight per plant; PNPP: Pod number per plant; NEPP: Number of effective pods per plant; NEmPP: Number of empty pods per plant; NSSP: Number of single-seeded pods; NDSP: Number of double-seeded pods; NTSP: Number of triple-seeded pods; The same as below

## 2.2 22份菜用大豆品种聚类分析

基于表型性状进行聚类分析,构建树状图(图1),在欧氏距离18时,22份菜用大豆被分为3大类,各类群的表型性状均值见表7。第I类包含16份材料,

其主要特征为植株较高、茎粗较粗,其中平均有效分枝数、单株荚重、二粒以上标准荚数、单株总荚数、单株有效荚数均为3类中最高,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



品种序号同表1; 下同

Variety No. is the same as table 1; The same as below

图1 基于表型性状的22份菜用大豆品种聚类分析

Fig. 1 Clustering analysis of 22 vegetable soybean varieties based on phenotypic traits

表 7 聚类分析的 3 个类群的表型性状特征值

Table 7 Phenotypic traits characteristic values of three groups in cluster analysis

| 表型性状<br>Phenotypic traits | 类群 Cluster |        |        |
|---------------------------|------------|--------|--------|
|                           | I          | II     | III    |
| 采收日数(d)DH                 | 77.90      | 78.40  | 76.00  |
| 株高(cm)PH                  | 30.77      | 28.03  | 25.25  |
| 茎粗(mm)SD                  | 6.34       | 6.01   | 5.06   |
| 主茎节数 NNMS                 | 8.26       | 7.71   | 8.58   |
| 有效分枝数 EBN                 | 3.04       | 2.43   | 1.67   |
| 底荚高度(cm)PHB               | 6.91       | 5.65   | 6.17   |
| 二粒以上标准荚数 NSP              | 24.28      | 21.50  | 17.33  |
| 标准荚长(cm)SPL               | 5.36       | 5.73   | 4.81   |
| 标准荚宽(cm)SPW               | 1.38       | 1.38   | 1.43   |
| 单荚粒数 NSPP                 | 1.89       | 1.88   | 1.84   |
| 鲜百粒重(g)FWHG               | 70.50      | 75.51  | 60.66  |
| 每千克标准荚数 SPPK              | 357.81     | 313.40 | 398.00 |
| 单株荚重(g)PWPP               | 80.25      | 76.77  | 60.17  |
| 单株总荚数 PNPP                | 36.95      | 29.15  | 27.83  |
| 单株有效荚数 NEPP               | 34.45      | 27.33  | 26.83  |
| 单株秕荚数 NEmPP               | 2.50       | 1.82   | 1.00   |
| 单粒荚果数 NSSP                | 9.03       | 7.83   | 9.50   |
| 双粒荚果数 NDSP                | 20.49      | 15.55  | 12.25  |
| 三粒荚果数 NTSP                | 4.89       | 3.94   | 5.08   |

含 5 份材料, 该类群主要特征为采收日数最迟, 标准荚长最长, 鲜百粒重最高, 主茎节数、底荚高度、每千克标准荚数、单粒荚果数均最小, 属大荚大粒品种。闽豆 1 号被单独分为一类, 其每千克标准荚数最高, 鲜百粒重、单株荚重最低, 标准荚长最短, 茎粗最细, 有效分枝数和单株秕荚数最少, 属小粒小荚品种。

### 2.3 22 份菜用大豆品种表型性状相关性分析

对 22 份菜用大豆品种表型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, 与有效分枝数呈显著正相关; 株高与茎粗、有效分枝数、底荚高度、二粒以上标准荚数呈极显著正相关, 与主茎节数、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、单株荚重、单粒荚果数呈极显著正相关, 与双粒荚果数存在显著正

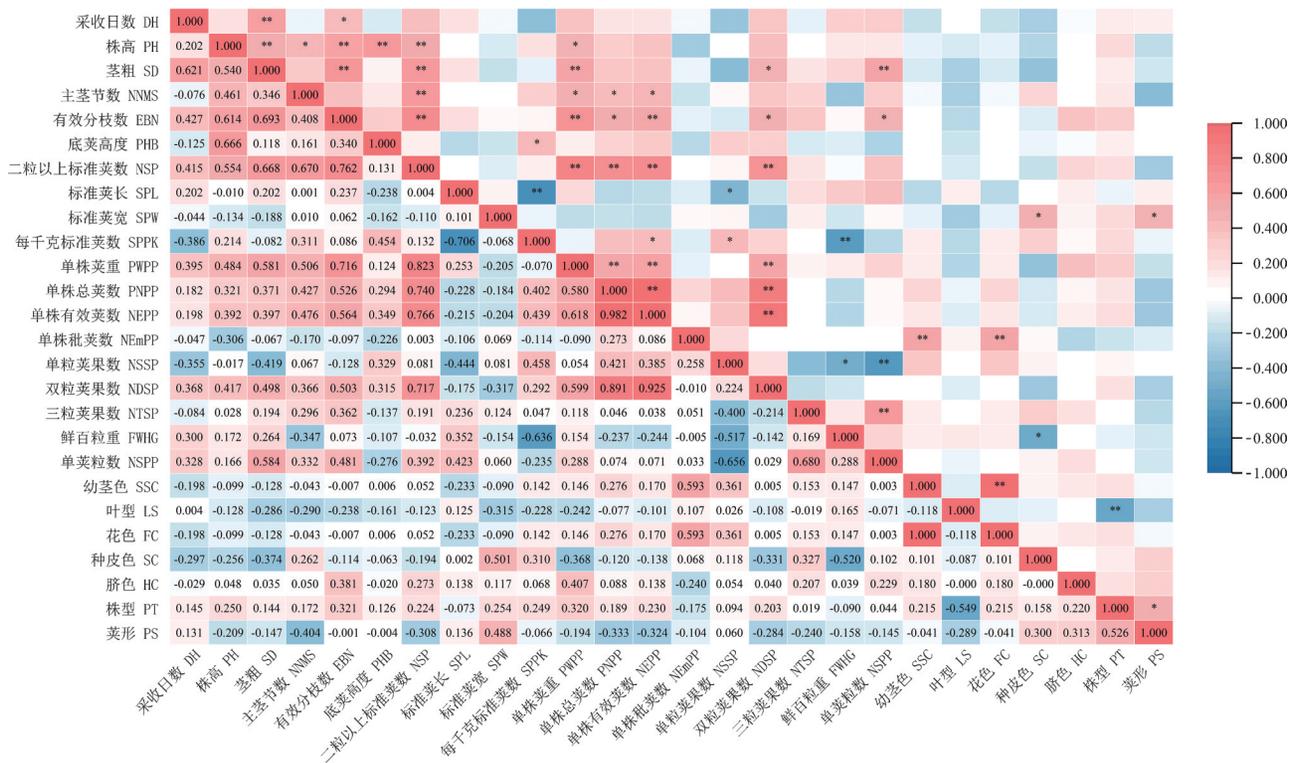
相关; 主茎节数同二粒以上标准荚数呈极显著正相关, 与单株荚重、单株总荚数、单株有效荚数呈显著正相关; 有效分枝数与二粒以上标准荚数、单株荚重、单株有效荚数呈极显著正相关, 与单株总荚数、双粒荚果数、单荚粒数存在显著正相关; 底荚高度与每千克标准荚数呈显著正相关; 二粒以上标准荚数与单株荚重、单株总荚数、单株有效荚数、双粒荚果数呈极显著正相关; 标准荚长与每千克标准荚数呈极显著负相关, 与单粒荚果数呈显著负相关; 标准荚宽与种皮色和荚形存在显著相关性; 每千克标准荚数与鲜百粒重呈极显著负相关, 与单株有效荚数、单粒荚果数呈显著正相关; 单株荚重是影响产量的关键因素之一, 与单株总荚数、单株有效荚数、双粒荚果数均呈极显著正相关; 单株总荚数与单株有效荚、双粒荚果数呈极显著正相关; 单株有效荚数与双粒荚果数呈极显著正相关; 单株秕荚数与花

色和幼茎色存在极显著相关性;单粒荚果数与鲜百粒重呈显著负相关,与单荚粒数呈极显著负相关;三粒荚果数与单荚粒数呈极显著正相关;鲜百粒重与种皮色存在显著相关性;幼茎色与花色呈极显著正相关;叶型与株型呈极显著负相关;株型与荚形存在显著相关性。

2.4 SSR分子标记多态性分析

根据聚丙烯酰胺凝胶电泳结果,从44对SSR引物中筛选出30对条带清晰、特异性强的引物(表8)。在22份材料中共检测到122个等位变异,每对引物

平均检测到4.0667个,有效等位变异数为1.0950~4.2087,平均值为2.7013。平均Nei's基因多样性指数为0.5691,Shannon's多态性信息指数平均值为1.0479。引物多态性信息含量介于0.0830~0.7319,平均多态性信息含量为0.5262,其中有18对引物表现为高度多态(多态性信息含量>0.5),仅有3对引物为低多态(多态性信息含量<0.25),多态信息含量最高的为Satt184(0.7319)。以上结果表明所筛选出的引物有较高的多态性监测效率。



\*和\*\*分别表示在P<0.05和P<0.01水平下显著相关  
\* and \*\* indicated significant correlation at P<0.05 and P<0.01 levels, respectively

图2 表型性状相关性分析  
Fig. 2 Correlation analysis between phenotypic traits

表8 30对SSR引物遗传多样性参数

Table 8 Genetic diversity parameters of 30 pairs of SSR primers

| 引物<br>Primer | 多态性信息含量<br>PIC | 等位变异数<br>Na | 有效等位变异数<br>Ne | Nei's基因多样性指数<br>He | Shannon's多态性信息<br>指数I |
|--------------|----------------|-------------|---------------|--------------------|-----------------------|
| Satt300      | 0.4938         | 4           | 2.3960        | 0.5826             | 0.9978                |
| Satt197      | 0.6125         | 6           | 2.9969        | 0.6663             | 1.2822                |
| Satt556      | 0.6925         | 4           | 3.8566        | 0.7407             | 1.3671                |
| Satt100      | 0.1516         | 2           | 1.1980        | 0.1653             | 0.3046                |
| Satt267      | 0.4938         | 4           | 2.3960        | 0.5826             | 0.9978                |
| Satt005      | 0.7268         | 6           | 4.2087        | 0.7624             | 1.5892                |

表 8 (续)

| 引物<br>Primer | 多态性信息含量<br>PIC | 等位变异数<br><i>N<sub>a</sub></i> | 有效等位变异数<br><i>N<sub>e</sub></i> | Nei's 基因多样性指数<br><i>H<sub>e</sub></i> | Shannon's 多态性信息<br>指数 <i>I</i> |
|--------------|----------------|-------------------------------|---------------------------------|---------------------------------------|--------------------------------|
| Satt268      | 0.5811         | 5                             | 2.8140                          | 0.6446                                | 1.1818                         |
| Satt334      | 0.5262         | 3                             | 2.4694                          | 0.5950                                | 0.9949                         |
| Satt191      | 0.6819         | 4                             | 3.7231                          | 0.7314                                | 1.3486                         |
| Satt380      | 0.4938         | 4                             | 2.3960                          | 0.5826                                | 0.9978                         |
| Satt462      | 0.6687         | 6                             | 3.5072                          | 0.7149                                | 1.4527                         |
| Satt487      | 0.6651         | 4                             | 3.5328                          | 0.7169                                | 1.3186                         |
| Satt180      | 0.3136         | 5                             | 1.3507                          | 0.2596                                | 0.6001                         |
| Sat_112      | 0.6985         | 4                             | 3.9350                          | 0.7459                                | 1.3780                         |
| Satt193      | 0.2822         | 3                             | 1.4491                          | 0.3099                                | 0.5764                         |
| Satt288      | 0.6030         | 5                             | 2.7896                          | 0.6415                                | 1.2785                         |
| Satt442      | 0.7084         | 8                             | 3.9350                          | 0.7459                                | 1.6227                         |
| Satt330      | 0.5413         | 4                             | 2.6162                          | 0.6178                                | 1.0915                         |
| Satt431      | 0.6961         | 6                             | 3.8110                          | 0.7376                                | 1.5090                         |
| Satt242      | 0.5902         | 4                             | 2.6486                          | 0.6224                                | 1.1033                         |
| Satt373      | 0.6287         | 3                             | 2.6667                          | 0.6250                                | 1.0397                         |
| Satt551      | 0.3459         | 3                             | 1.6053                          | 0.3771                                | 0.6935                         |
| Sat_084      | 0.3750         | 2                             | 2.0000                          | 0.5000                                | 0.6931                         |
| Satt345      | 0.6883         | 4                             | 3.1873                          | 0.6863                                | 1.2504                         |
| Satt509      | 0.4367         | 2                             | 2.0000                          | 0.5000                                | 0.6931                         |
| Satt415      | 0.1190         | 2                             | 1.1456                          | 0.1271                                | 0.2489                         |
| Satt271      | 0.0830         | 2                             | 1.0950                          | 0.0868                                | 0.1849                         |
| Satt600      | 0.6637         | 4                             | 3.5200                          | 0.7159                                | 1.3154                         |
| Satt216      | 0.4938         | 4                             | 2.3960                          | 0.5826                                | 0.9978                         |
| Satt184      | 0.7319         | 5                             | 3.3927                          | 0.7052                                | 1.3284                         |
| 平均 Mean      | 0.5262         | 4.0667                        | 2.7013                          | 0.5691                                | 1.0479                         |

PIC: Polymorphism information content; *N<sub>a</sub>*: Observed number of alleles; *N<sub>e</sub>*: Effective number of alleles; *H<sub>e</sub>*: Nei's gene diversity; *I*: Shannon's information index

## 2.5 SSR 分子标记遗传相似性及聚类分析

基于筛选出的 30 对 SSR 引物构建的“0/1”矩阵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 0.3301~1.0000, 平均为 0.6341, 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, 30 对 SSR 分子标记均无法

将 2 个品种区分开; 青酥 6 号和闽豆 1 号间遗传相似系数最小, 为 0.3301, 表明这两个品种间遗传背景差异较大。绿领 1 号与其他 21 份菜用大豆品种间遗传相似系数的平均值最大, 为 0.7378; 闽豆 1 号与其他品种间遗传相似系数的平均值最小, 为 0.4959。

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

| 序号<br>No. | 1 | 2      | 3      | 4      | 5      | 6      | 7      | 8      | 9      | 10     | 11     | 12     | 13     | 14     | 15     | 16     | 17     | 18     | 19     | 20     | 21     | 22     |
|-----------|---|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|
| 1         |   | 0.6598 | 0.5510 | 0.8454 | 0.8776 | 0.8454 | 0.9184 | 0.8776 | 0.5361 | 0.5051 | 0.7629 | 0.8125 | 0.5773 | 0.6939 | 0.5306 | 0.5800 | 0.6667 | 0.7959 | 0.6392 | 0.6869 | 0.6804 | 0.6947 |
| 2         |   |        | 0.4158 | 0.7600 | 0.7525 | 0.7200 | 0.7129 | 0.7525 | 0.3800 | 0.8431 | 0.4800 | 0.6869 | 0.5600 | 0.5347 | 0.4752 | 0.4078 | 0.6863 | 0.6931 | 0.5200 | 0.7059 | 0.5400 | 0.5918 |
| 3         |   |        |        | 0.4158 | 0.4510 | 0.4356 | 0.4902 | 0.4510 | 0.6337 | 0.3301 | 0.5941 | 0.4200 | 0.5149 | 0.5490 | 0.5294 | 0.5385 | 0.5631 | 0.4118 | 0.5743 | 0.5631 | 0.4554 | 0.5253 |
| 4         |   |        |        |        | 0.9307 | 0.8600 | 0.8911 | 0.9307 | 0.4800 | 0.6471 | 0.6200 | 0.8687 | 0.6000 | 0.7723 | 0.5743 | 0.5049 | 0.6863 | 0.7525 | 0.5400 | 0.7451 | 0.6800 | 0.6939 |
| 5         |   |        |        |        |        | 0.8515 | 0.9608 | 1.0000 | 0.5545 | 0.6408 | 0.6931 | 0.9400 | 0.5941 | 0.7843 | 0.5098 | 0.5192 | 0.6796 | 0.8235 | 0.6139 | 0.8155 | 0.7525 | 0.7071 |
| 6         |   |        |        |        |        |        | 0.8911 | 0.8515 | 0.6200 | 0.6471 | 0.6800 | 0.7879 | 0.7400 | 0.6337 | 0.5743 | 0.5825 | 0.6667 | 0.6931 | 0.6800 | 0.7451 | 0.7400 | 0.7143 |
| 7         |   |        |        |        |        |        |        | 0.9608 | 0.5941 | 0.6019 | 0.7327 | 0.9000 | 0.6337 | 0.7451 | 0.5490 | 0.5577 | 0.6408 | 0.8039 | 0.6535 | 0.7767 | 0.7327 | 0.7475 |
| 8         |   |        |        |        |        |        |        |        | 0.5545 | 0.6408 | 0.6931 | 0.9400 | 0.5941 | 0.7843 | 0.5098 | 0.5192 | 0.6796 | 0.8235 | 0.6139 | 0.8155 | 0.7525 | 0.7071 |
| 9         |   |        |        |        |        |        |        |        |        | 0.3529 | 0.7200 | 0.5253 | 0.5800 | 0.5743 | 0.4752 | 0.5825 | 0.4706 | 0.4356 | 0.6200 | 0.5490 | 0.6800 | 0.5102 |
| 10        |   |        |        |        |        |        |        |        |        |        | 0.3725 | 0.6535 | 0.5686 | 0.5631 | 0.4078 | 0.3810 | 0.5769 | 0.6019 | 0.5098 | 0.6923 | 0.4902 | 0.6000 |
| 11        |   |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        | 0.6667 | 0.6400 | 0.6139 | 0.6733 | 0.4660 | 0.7059 | 0.6139 | 0.6600 | 0.6078 | 0.7400 | 0.5714 |
| 12        |   |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        | 0.5657 | 0.8400 | 0.4800 | 0.4706 | 0.6535 | 0.7600 | 0.5859 | 0.7525 | 0.6869 | 0.6804 |
| 13        |   |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        | 0.5149 | 0.8317 | 0.4466 | 0.7059 | 0.4554 | 0.6200 | 0.7255 | 0.6400 | 0.6531 |
| 14        |   |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        | 0.5490 | 0.5769 | 0.5631 | 0.6078 | 0.6139 | 0.6408 | 0.6931 | 0.6061 |
| 15        |   |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        | 0.4423 | 0.6408 | 0.3725 | 0.5545 | 0.5825 | 0.5941 | 0.5859 |
| 16        |   |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        | 0.3619 | 0.4423 | 0.6990 | 0.4571 | 0.5437 | 0.4752 |
| 17        |   |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        | 0.5825 | 0.5882 | 0.6538 | 0.6667 | 0.5400 |
| 18        |   |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        | 0.5347 | 0.6408 | 0.5941 | 0.5455 |
| 19        |   |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        | 0.6275 | 0.6400 | 0.5510 |
| 20        |   |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        | 0.6275 | 0.6400 | 0.5510 |
| 21        |   |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        | 0.6471 | 0.6400 | 0.5510 |
| 22        |   |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        | 0.6471 | 0.6400 | 0.5510 |
| 平均        |   |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |
| Mean      |   |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |

1~22为22份菜用大豆品种序号, 同表1

1-22 are variety No. of 22 vegetable soybean varieties, which are the same as table 1



23-9、毛豆 389 和浙鲜 10 号以外的 19 份菜用大豆品种,区分率达 86.36%(表 10)。

表 10 SSR 标记组合对 22 份菜用大豆品种的区分情况

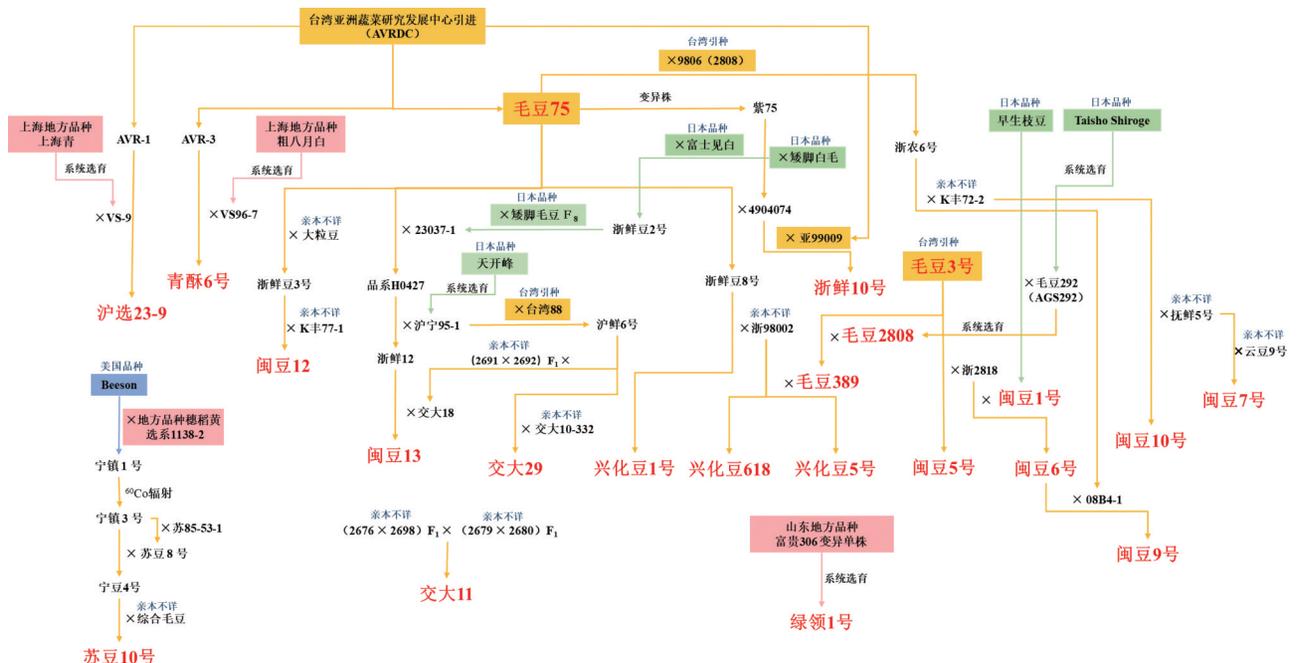
Table 10 Discrimination of 22 vegetable soybean varieties by SSR marker combinations

| 引物组合<br>Primer combination   | 引物数<br>Number of primers | 区分材料数<br>Number of discriminated materials | 区分率<br>(%)<br>Discrimination rate |
|--|--------------------------|--|-----------------------------------|
| Satt197  | 1                        | 2  | 9.09                              |
| Satt197+Satt442  | 2                        | 5  | 22.73                             |
| Satt197+Satt442+Satt268  | 3                        | 9  | 40.91                             |
| Satt197+Satt442+Satt268 +Satt005                                       | 4                        | 12   | 54.55                             |
| Satt197+Satt442+Satt268+Satt005+Satt431                                | 5                        | 15   | 68.18                             |
| Satt197+Satt442+Satt268+Satt005+Satt431+Satt334                        | 6                        | 16   | 72.73                             |
| Satt197+Satt442+Satt268+Satt005+Satt431+Sat334+Sat556                  | 7                        | 17   | 77.27                             |
| Satt197+Satt442+Satt268+ Satt005+Satt431+Sat334+Satt556+Sat_112        | 8                        | 18   | 81.82                             |
| Satt197+Satt442+Satt268+Satt005+Satt431+Sat334+Satt556+Sat_112+Satt487 | 9                        | 19   | 86.36                             |

2.7 22 份菜用大豆品种系谱分析

对 22 个菜用大豆进行溯源,发现除苏豆 10 号、交大 11、绿领 1 号、沪选 23-9 和青酥 6 号 5 个品种外,其他 17 个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,供试品种大部分都含有中国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;部分品种因未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 亲本只知道是引自中国台湾亚洲蔬菜研究发展中心。但这些亲本不详的品种在进行分子标记聚类分析时也和其他审定品种聚为 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



Red font indicates 22 approved varieties, the green squares represent Japanese varieties, the pink squares represent local varieties of China, the blue squares represent American varieties, and the yellow squares represent varieties introduced from Taiwan, China

图 5 22 份菜用大豆系谱图

Fig. 5 Pedigree chart of 22 vegetable soybean varieties

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。

### 3 讨论

SSR 分子标记技术在遗传分析中具有高效性和可靠性<sup>[35]</sup>, 因此国际植物新品种保护联盟 (UPOV, International Union for the Protection of New Varieties of Plants) 推荐其作为构建植物 DNA 指纹图谱的首选方法<sup>[36]</sup>。向艳涛等<sup>[8]</sup>选用 212 对 SSR 标记对中国和日本的 84 份菜用大豆进行遗传多样性分析, 其引物的多态性信息含量平均值为 0.24; Zhang 等<sup>[37]</sup>用 EST-SSRs 标记于评估 48 份菜用大豆种质的遗传多样性, 其多态性信息含量均值为 0.386。两者所选用的 SSR 引物多态性信息含量较低。一般而言, 多态性信息含量 > 0.5 的 SSR 标记被认为是高度多态的, 而多态信息含量 < 0.25 则被视为低多态性<sup>[38-40]</sup>。李超汉等<sup>[41]</sup>利用筛选出的 7 对核心 SSR 引物对地方菜用大豆进行遗传多样性分析, 其多态性信息含量均值为 0.54, 与本研究结果相似。本研究筛选出的 30 对 SSR 引物多态性信息含量值介于 0.0830~0.7319 之间, 平均值为 0.5262, 其中有 18 对引物为高度多态 (多态性信息含量 > 0.5), 这些引物能够作为菜用大豆种质资源遗传多样性评价的理想标记。本研究选取多态性高、变异位点丰富、扩增条带清晰的位于 8 条染色体上的 9 个 SSR 引物组合, 构建了 19 份福建省菜用大豆审定品种 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<sup>[42-43]</sup>, 可为下一步的遗传研究及育种实践提供依据。徐海凤等<sup>[44]</sup>和李超汉等<sup>[41]</sup>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。李之国等<sup>[45]</sup>基于 AFLP 位点对 40 份菜用大豆对中国和日本的 40 份菜用大豆进行遗传多样性分析, 其遗传相似系数平均值为 0.7094。本研究中 22 个菜用大豆品种遗传相似系数均值为 0.6349, 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中国台湾等地引进、亲本来源有限、优良性状的品种被重复利用, 从而使遗传基础变窄有关<sup>[30]</sup>。本研究在遗传相似系数为 0.556 时, 22 个品

种可以分为 3 个类群。第 I 类为兴化豆 618 和兴化豆 5 号, 是由同一育种单位选用浙 98002 与毛豆 389 为亲本杂交选育而来的姊妹品种, 通过分子标记将其聚为一类, 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 II 类中仅包含闽豆 1 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, 曾长期作为我国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 (两年区试鲜菜产量比对照增产 14.6%) 和父本早熟、抗病基因<sup>[46]</sup>, 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一类, 其株高最低、有效分枝最少、每千克标准荚数最高, 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<sup>[47]</sup>。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, 适合作为改良株型、产量提升及拓宽遗传多样性的亲本, 尤其是其具有抗炭疽病特性。在我国有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<sup>[48]</sup>, 可将其用作抗炭疽病品种选育的关键材料。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 号在遗传相似系数为 0.867 时聚为一个小类, 这几个品种遗传相似系数大, 亲缘关系近, 可能与这些品种亲本均含有中国台湾品种的血缘有关。值得关注的是, 沪选 23-9 与毛豆 389 的遗传相似系数为 1, 本研究 30 对 SSR 引物均无法区分, 王彪等<sup>[49]</sup>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 个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一类, 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<sup>[50-51]</sup>, 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,育种实践中应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选,拓宽菜用大豆基因池,将有利于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. 镇江: 江苏大学, 2022  
Guo L P. Study on the formation mechanism and metabolism law of main quality traits of vegetable soybean. Zhenjiang: Jiangsu University, 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, 9(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, 9(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, Lyu 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, Lyu 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 phenotypies 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, 刘毅, 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] 李赢, 刘海翠, 石吕, 石晓旭, 韩笑, 刘建, 魏亚凤. 江苏裸大麦种质资源遗传多样性和群体结构分析. *作物学报*, 2023, 49(10): 2687-2697  
Li Y, Liu H C, Shi L, Shi X X, Han X, Liu J, Wei Y F. Genetic diversity and population structure analysis of naked barley germplasm resources in Jiangsu province. *Acta Agronomica Sinica*, 2023, 49(10): 2687-2697
- [20] 张晓煜, 王仕鹏, 曹昆山, 李旭婧, 叶哈, 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. 黄淮海大豆遗传多样性分析. *中国农业科学*, 2004, 37(1): 15-22  
Cui Y H, Qiu L J, Chang R Z, Lyu W H. A study of genetic diversity of Huanghuai summer sowing soybean in China. *Scientia Agricultura Sinica*, 2004, 37(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, Shu 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(6): 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(6): 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, 22(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, 22(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, 5(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, 5(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] 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
- [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荧光标记的芒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] 徐海凤, 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] 李之国, 李喜焕, 张彩英, 马峙英. 基于农艺性状和 AFLP 位点的菜用大豆遗传多样性. 中国油料作物学报, 2007, 29(4): 391-396  
Li Z G, Li X H, Zhang C Y, Ma Z Y. Genetic diversity assessment of vegetable soybean varieties based on agronomic characters and AFLPs. Chinese Journal of Oil Crop Sciences, 2007, 29(4): 391-396
- [46] 胡润芳, 林国强, 陈志雄, 张轼, 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, 22(3): 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, 22(3): 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, 19(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, 19(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(1): 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(1): 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, 1(1): 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, 1(1): 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