

文章编号:1003-8701(2005)01-0040-06

# 草原红牛及其杂种牛微卫星标记 与生产性能关系的研究

赵玉民<sup>1</sup>, 杨国忠<sup>2</sup>, 张嘉保<sup>3</sup>, 胡成华<sup>1</sup>, 任文陟<sup>3</sup>, 张国梁<sup>1</sup>

(1.吉林省农业科学院畜牧分院,吉林 公主岭 136100; 2.河北北方学院牧工系,河北 张家口 075131;  
3.中国人民解放军军需大学军事兽医系,长春 130062)

**摘要:**本研究选用草原红牛、利木赞与草原红牛杂交后代共计40头作为试验牛群体,以体重、体尺作为衡量牛生长发育的指标,以肉牛线性体型评分方法中的肌肉度线性评分性状和屠宰肉用性状作为衡量牛肉用性能的指标,运用SPSS软件之GLM分析了40头牛21个性状与8个微卫星标记的关系。结果表明, IDVGA55等位基因C(203bp)对体高、十字部高和坐骨端高3个体尺性状有正效应;BM2113等位基因C(142bp)对腿围、净肉重和净肉率等性状有正面影响;ETH225等位基因A(123bp)对腰角宽具有正面影响;IDVGA46等位基因C(211bp)对5个肌肉度评分性状(背甲、肩部、腰厚、大腿肌、臀部外形)以及胴体重、屠宰率、净肉重和净肉率等屠宰肉用性状有负面影响;BM1824等位基因A(171bp)对十字部高、腰厚2个性状有正效应,等位基因C(179bp)对胸深性状有正效应;TGLA44等位基因E(221bp)对背甲、腰厚、臀部外形等肌肉度评分性状和体重、胴体重以及净肉重等屠宰肉用性状有正面影响。

**关键词:**草原红牛;生产性能;微卫星DNA

中图分类号:S823.8

文献标识码:A

在真核生物的基因组中,广泛分布着许多串联重复的DNA序列,有些简单重复的DNA序列,每个重复单位仅1~6个碱基,重复数为10~60次左右,这些重复序列的DNA称为微卫星DNA,又称为简单序列重复DNA(Simple Sequence Repeat, SSR)。微卫星DNA是一种理想分子遗传标记,具有许多突出优点,如数量多且均匀的分布在大多数真核及少数原核生物的基因组中,丰富的多态性,易于检测,具有保守性、等显性遗传,因此已被广泛应用于畜禽遗传育种之中。利用微卫星标记的多态性,进行不同标记群体之间的生产性能差异显著性分析,从而寻找与生产性状位点相连锁的遗传标记,为开展分子育种和遗传标记辅助选择提供科学依据。此类研究已逐渐受到国内外研究者的重视,并已取得了一些研究成果。其中在肉牛方面,国外有关于皮埃蒙特牛与契安尼娜杂种牛的研究<sup>[1]</sup>;国内有关于南阳牛、皮埃蒙特牛及其杂交后代,延边黄牛、利木赞牛及两者杂交牛群体的研究报道<sup>[2,3]</sup>,这些研究成果为本研究提供了良好的技术支持和理论依据。

草原红牛是一个适应北方草原地区特点的肉乳兼用型优良品种,具有适应性强、宜放牧、耐粗饲、抗病能力强、乳脂率高和肉质好等突出优点,深受当地农牧民的欢迎。但与国外优良肉牛品种以及国内黄牛品种相比还存在着个体小、生长缓慢和产肉性能偏低等不足。近年来,为了提高其生产性能,从国外引进优良肉牛品种对其进行杂交改良。胡成华与于洪春等对丹麦红牛和利木赞牛改良后代进行的生产性能测定表明,用利木赞牛改良草原红牛,能有效地提高草原红牛的产肉性能,认为可以作为草原红肉牛新品系选育的一个良好的杂交组合<sup>[4,5]</sup>。本研究采用微卫星标记技术,从分子水平上研

收稿日期:2004-10-12

基金项目:国家高技术研究发展计划(863计划)项目,课题编号为2001AA243051

作者简介:赵玉民(1965-),男,吉林省公主岭人,吉林省农业科学院研究员,在读博士,主要从事肉牛生产研究。

究草原红牛及其杂交改良牛群体的生产性能与遗传标记之间的关系,旨在为草原红肉牛新品系的培育提供理论依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料

#### 1.1.1 试验牛样品

本试验选用吉林省农科院畜牧分院牛场饲养的纯种草原红牛、利木赞和草原红牛杂交改良牛共计 40 头,颈静脉采血,EDTA 抗凝,-20℃保存备用。

#### 1.1.2 主要试剂

Taq 酶、dNTP、蛋白酶 K、RNAase、Tris 饱和酚、Tris、EDTA、DNA Marker、N、N'-亚甲双丙烯酰胺、TEMED、尿素、过硫酸铵、丙烯酰胺、硝酸银、亲水硅烷、疏水硅烷和引物等。

#### 1.1.3 主要仪器

PCR 仪、高速冷冻离心机、高速台式离心机、核酸测序电泳仪、电泳仪、紫外透射反射分析仪和电子天平等。

### 1.2 方法

#### 1.2.1 基因组 DNA 的提取

参考《分子克隆实验指南》<sup>[6]</sup>,略有改进。

#### 1.2.2 引物的筛选与合成

选出 5 条染色体上的 8 个与某些牛种生产性能相关的微卫星位点。再从 Internet 网进入牛的微卫星数据库,查出相应的微卫星引物序列,引物由北京鼎国生物技术发展中心和赛百胜生物技术公司合成。

#### 1.2.3 PCR 扩增

程序为 94℃的预变性 5 min→94℃变性 30 s→退火 45 s→72℃延伸 45 s,35 个循环,反应结束后 72℃延伸 10 min;8 对引物退火温度为 50~65℃。

#### 1.2.4 PCR 产物的检测及电泳分型

扩增产物先在 1.5% 琼脂糖凝胶上电泳,并以核酸分子量标准作对照,在紫外透射分析仪上观察是否有所需的条带,若有继续转到 8% 变性聚丙烯酰胺凝胶上电泳分型。采用银染法经过固定、漂洗、染色、显影和终止等步骤进行染色,得到凝胶图,拍照保存以判定基因型。

#### 1.2.5 基因型的判定

用凝胶成像系统携带的 UVIBAND Version 99 软件中的 MW-RF 功能分析计算全部个体各微卫星位点等位基因大小。以大小不同的扩增片段为不同的等位基因,按等位基因从小到大的顺序分别依次定名为 A、B、C、D、E 等。分析各微卫星座位全部个体的基因型。

#### 1.2.6 牛生产性能测定

本实验所选牛群为 8 月龄左右,生长发育良好的断奶小公牛,经过 10 个月(2003 年 2 月 12 日~12 月 15 日)共 305 d 的舍饲育肥,饲养标准为我国肉牛饲养标准,中等营养水平,于育肥期结束时测定牛的体重、体尺,进行肉牛肌肉度线性评分,并屠宰测定其肉用性能(屠宰程序按我国肉牛屠宰试验暂行标准)。其中肌肉度评分性状采用意大利皮埃蒙特肉牛线性体型评分方法中的肌肉度评分标准(曹红鹤)<sup>[7]</sup>。

#### 1.2.7 统计分析

本研究所用牛群的年龄、性别以及饲料等其他试验条件一致,只考虑品种和遗传标记两个因素,因此采用二因素交叉分组的试验设计,其固定模型为:  $Y_{ij} = \mu + \alpha_i + \beta_j + e_{ij}$ 。其中  $Y_{ij}$  为个体表型记录,  $\alpha_i$  为品种效应,  $\beta_j$  为标记效应,  $e_{ij}$  为随机误差。根据各微卫星标记基因型分析结果和各生产性状测定结果,运用 SPSS for windows 统计软件(version10.0)之 GLM 对数据进行非均衡资料的方差分析,对不同标

记基因型间生产性状指标差异显著性进行检验并进行多重比较(LSD)。进而分析等位基因的效应。

## 2 结果与分析

由于一些位点中某些基因型的出现频率太低,缺少分析价值,在实际统计分析中每种基因型至少有3个观察值才被考虑<sup>[3]</sup>。由于测定项目很多,表中只列出各基因型对其有显著效应的性状。

表1 位点 IDVGA55 不同基因型各性状均值差异显著性检验

基因型	AA	BB	AB	AC	BD
	193/193	199/199	193/199	193/203	199/217
样本数 N	3	10	16	4	5
体高(cm)	123.5±1.5b	122.9±3.6B	122.2±1.8B	128.3±2.1aA	125.4±3.6b
十字部高(cm)	130.8±4.5ab	129.4±4.2b	128.4±2.5bB	133.8±3.6aA	131.4±2.6ab
坐骨端高(cm)	121.0±3.6a	119.3±2.6bB	117.5±2.3bB	123.5±2.5aA	122.0±3.4a

注:在同一行中标有不同字母 a, b, c 等小写字母的均值间差异显著 ( $P < 0.05$ ); 标有 A, B, C 等大写字母的均值间差异极显著 ( $P < 0.01$ ), 以下各表同。

由表1可见,在体高、十字部高和坐骨端高3个体尺性状上,位点 IDVGA55 基因型 AC 均值最大,相对于 AB 差异极显著( $P < 0.01$ ),相对于 BB 差异极显著或显著( $P < 0.01$  或  $P < 0.05$ ),且高于基因型 AA 和 BD。由于基因型 AC 含有其他基因型所不含的等位基因 C,因此认为等位基因 C(203bp)对这3个体尺性状有正效应。

表2 微卫星位点 BM2113 不同基因型各性状均值差异显著性检验

基因型	BB	AB	AC	BC
	136/136	128/136	128/142	136/142
样本数 N	7	15	8	6
腿围(cm)	105.10±3.10ab	103.50±4.20bB	107.10±2.60a	108.50±3.10aA
净肉重(kg)	230.05±20.83ab	225.04±17.75b	235.63±9.21ab	244.17±11.26a
净肉率(%)	49.21±1.75ab	47.97±1.53bB	49.88±1.18aA	49.48±1.36a

表2为微卫星位点 BM2113 不同基因型各性状均值差异显著性检验结果。在腿围(体尺)性状上,基因型 BC 和 AC 相对于 AB 差异分别达到极显著和显著水平( $P < 0.01$  和  $P < 0.05$ ),且高于 BB,表明等位基因 C(142bp)对腿围性状有正面影响。在净肉重性状上,基因型 BC 显著高于 AB( $P < 0.05$ ),且 AC 也高于 BB 和 AB( $P > 0.05$ ),表明等位基因 C(142bp)对净肉重性状有正面影响。对于净肉率性状,基因型 AC 和 BC 均比不含 C 的基因型高,其中 AC 和 AB 之间的差异达到了极显著水平( $P < 0.01$ ),BC 和 AB 之间的差异达到了显著水平( $P < 0.05$ ),表明等位基因 C(142bp)对净肉率性状也具有正效应。

表3 微卫星位点 ETH225 不同基因型各性状均值差异显著性检验

基因型	BB	AD	BD	BE
	129/129	123/143	129/143	129/147
样本数 N	9	7	13	5
腰角宽(cm)	44.9±1.1ab	46.3±2.2a	43.5±1.8b	44.6±2.2ab

由表3可见,在腰角宽体尺性状上,位点 ETH225 基因型 AD 最大,与基因型 BD 间的差异达到了显著水平( $P < 0.05$ ),且高于基因型 BB 和 BE,表明等位基因 A(123bp)对腰角宽具有正面影响。

表4为微卫星位点 IDVGA46 不同基因型各性状均值差异显著性检验结果。在耆甲、肩部、大腿肌、臀部外形4个肌肉度评分性状上,基因型 AC 极显著( $P < 0.01$ )或显著( $P < 0.05$ )小于基因型 AB、BD 以及 BB,同时也小于基因型 AA;对腰厚性状,基因型 AC 显著( $P < 0.05$ )小于基因型 BD,同时也小于基因型 AA、AB 以及 BB。以上结果表明,等位基因 C(211bp)对5个肌肉度评分性状耆甲、肩部、腰厚、大腿肌、臀部外形有负面影响。在胴体重、屠宰率、净肉重和净肉率等屠宰肉用性状方面,基因型 AC 显著( $P < 0.05$ )或极显著( $P < 0.01$ )低于 BB、AB 及 BD,表明等位基因 C(211bp)对牛的肉用性能有负面影响。

表 4 微卫星位点 IDVGA46 不同基因型各性状均值差异显著性检验

基因型	AA	BB	AB	AC	BD
	201/201	203/203	201/203	201/211	203/217
样本数 N	4	3	15	6	9
耆甲	5.88±1.93ab	6.67±0.58a	6.43±0.98aA	5.25±0.69bB	6.70±0.61aA
肩部	6.50±1.47ab	7.00±0.50a	6.67±0.94a	5.67±0.75b	6.73±0.55a
腰厚	5.75±1.94ab	6.83±0.76ab	6.57±1.27ab	5.50±1.10b	6.87±0.89a
大腿肌	5.88±1.93ab	6.83±0.76aA	6.77±1.10a	5.50±0.89bB	6.90±0.68aA
臀部外形	6.63±1.80ab	7.00±0.50a	6.63±1.29a	5.75±0.82bB	7.06±0.76aA
胴体重(kg)	267.6±21.8ab	285.5±10.4a	277.8±17.5a	255.4±22.8b	281.7±13.5a
屠宰率(%)	57.7±1.65ab	58.5±0.76a	58.3±1.46aA	56.2±1.48bB	58.9±1.93aA
净肉重(kg)	226.5±20.0ab	240.2±10.9a	234.1±15.8a	214.6±20.9bB	241.3±17.9aA
净肉率(%)	48.8±1.72ab	49.2±1.33ab	49.1±1.58ab	47.3±1.67b	50.5±3.62a

表 5 微卫星位点 BM1824 不同基因型各性状均值差异显著性检验

基因型	BB	DD	AD	BD	CD
	175/175	187/187	171/187	175/187	179/187
样本数 N	6	4	3	19	6
腰厚	5.42±1.16b	5.88±0.75b	6.83±0.76a	6.27±1.41ab	6.75±1.33ab
十字部高(cm)	127.50±3.15b	128.25±3.40b	133.33±2.31a	130.03±3.47ab	131.00±4.00ab
胸深(cm)	67.08±1.43b	68.88±1.32ab	68.67±1.16ab	67.79±1.78b	70.67±3.55a

表 5 为微卫星位点 BM1824 不同基因型各性状均值差异显著性检验结果。在十字部高性状中,基因型 AD 显著高于基因型 BB 和 DD( $P<0.05$ ),且高于 BD 和 CD( $P>0.05$ ),表明等位基因 A(171bp)对十字部高有正效应;对胸深性状,基因型 CD 显著高于基因型 BB 和 BD( $P<0.05$ ),且高于 DD 和 AD( $P>0.05$ ),表明等位基因 C(179bp)对胸深性状有正效应。对于腰厚评分性状,基因型 AD 显著高于基因型 BB 和 DD( $P<0.05$ ),且高于 BD 和 CD( $P>0.05$ ),表明等位基因 A(171bp)对腰厚性状有正效应。

表 6 微卫星位点 TGLA44 不同基因型各性状均值差异显著性检验

基因型	AA	EE	AD	AE
	185/185	221/221	185/205	185/221
样本数 N	7	5	10	6
耆甲	5.93±1.40b	7.06±0.90a	6.10±0.66b	6.67±0.52ab
腰厚	5.81±1.50b	7.26±0.99a	6.15±1.06b	6.75±0.69ab
臀部外形	6.73±1.31ab	7.36±0.99a	6.20±1.27b	6.88±0.67ab
体重(kg)	491.1±32.6ab	513.8±20.3a	477.8±30.5b	496.2±16.1ab
胴体重(kg)	273.6±17.9ab	291.2±11.0a	265.3±23.9b	278.9±13.6ab
净肉重(kg)	229.8±15.6ab	246.4±11.0a	224.2±22.1b	233.4±11.8ab

表 6 为微卫星位点 TGLA44 不同基因型各性状均值差异显著性检验结果。在耆甲、腰厚等 2 个肌肉度评分性状上,基因型 EE 均值均为最大,显著( $P<0.05$ )高于基因型 AA 和 AD,另一含等位基因 E 的基因型 AE 也较 AA 和 AD 高;对于臀部外形、体重、胴体重以及净肉重等性状,基因型 EE 显著( $P<0.05$ )高于基因型 AD,且 AE 也高于 AA 和 AD( $P>0.05$ )。表明等位基因 E(221bp)对耆甲、腰厚、臀部外形等肌肉度评分性状和体重、胴体重以及净肉重等屠宰肉用性状有正面影响。

### 3 讨论

本研究结果表明,TGLA44 之等位基因 E(221bp)与耆甲、腰厚、臀部外形等肌肉度评分性状和胴体重以及净肉重等屠宰肉用性状有关,即与本群体的肉用性能有正相关,这与有关报道相一致。Charlier 等(1995)<sup>[8]</sup>在对比比利时蓝牛的研究中发现,引起牛双肌现象的 mh 基因位于第 2 号染色体上,微卫星 DNA 标记 TGLA44 与牛的 mh 基因相连锁。E.Casas 等(1998)<sup>[9]</sup>研究表明,牛的双肌基因位于 TGLA44 和 INRA40 之间且距 TGLA44 约 2.8cM。利木赞牛作为一个优良肉牛品种,含有双肌牛个体和双肌基因<sup>[10]</sup>。而本研究在草原红牛试验群体中未检测到等位基因 E,但它在利木赞与草原红牛杂种中

存在,说明等位基因 E 来源于利木赞牛。曹红鹤等(1999)<sup>[2]</sup>在研究时发现,南阳牛、皮埃蒙特牛及其杂交后代中 IDVGA46 的等位基因 211 与肩部发育有负相关。本研究表明 IDVGA46 等位基因 C(211bp)对肩部发育有负面影响,与曹红鹤等结果相符。此外还发现该等位基因对耆甲、腰厚、大腿肌、臀部外形肌肉度线性评分性状以及胴体重、屠宰率、净肉重和净肉率等屠宰肉用性状也有负面影响。曹红鹤等(1999)<sup>[2]</sup>关于 IDVGA55 等位基因 203 与体高、十字部高正相关的结果与本研究的等位基因 C(203bp)对体高、十字部高性状有正效应结果相一致。

Napolitano 等(1996)<sup>[1]</sup>在研究分析皮埃蒙特和契安尼娜的杂交牛群体肉用性能与微卫星标记关系中发现, IDVGA46 等位基因 205 与体高、体长及胸宽有明显正相关, IDVGA2 与肉牛的体高、胸深及胸宽等性状显著相关,本研究却未检测到 IDVGA46 的等位基因 205,也未发现 IDVGA46 和 IDVGA2 与这些体尺之间的相关性。金海国等(2004)<sup>[3]</sup>分析了延边黄牛肉用生产性状与微卫星标记的关系,认为微卫星 IDVGA46 位点的等位基因 249 对肌肉度线性评定的腰宽性状有正面影响,等位基因 203 和 245 对肌肉度评定性状腰宽有负面影响。本研究未发现等位基因 203 与性状的相关性,在群体中未检测到等位基因 205、245 和 249。存在差异的原因:一是所研究的牛群体不同。因为不同的品种具有不同的遗传结构,它们的等位基因就会有差别,这一点已得到本研究及其他研究结果的证实。二是研究牛群体的大小不同。从理论上讲,研究群体越大越好,因为只有群体足够大,才能检测到所有标记基因型。尤其是对于多态性丰富的微卫星位点来说,更需要大的群体。但由于经费有限,本研究除了测定体重和肌肉度评分性状外,还测定了屠宰项目,因此研究群体较小(40 头),这对于有些研究结果来说,可能会产生一定的误差。因此本研究只是初步探讨,今后还应加大研究经费的投入,进行更加深入的研究,以确保研究结果的准确性。

#### 4 小 结

IDVGA55 等位基因 C(203bp)对体高、十字部高和坐骨端高 3 个体尺性状有正效应; BM2113 等位基因 C(142bp)对腿围、净肉重和净肉率等性状有正面影响; ETH225 等位基因 A(123bp)对腰角宽具有正面影响; IDVGA46 等位基因 C(211bp)对 5 个肌肉度评分性状耆甲、肩部、腰厚、大腿肌、臀部外形以及胴体重、屠宰率、净肉重和净肉率等屠宰肉用性状有负面影响; BM1824 等位基因 A(171bp)对十字部高、腰厚 2 个性状有正效应,等位基因 C(179bp)对胸深性状有正效应; TGLA44 等位基因 E(221bp)对耆甲、腰厚、臀部外形等肌肉度评分性状和体重、胴体重以及净肉重等屠宰肉用性状有正面影响。

#### 参考文献:

- [1] Napolitano F. Exploitation of microsatellites as genetic markers of beef performance traits in Pimontese Chianina crossbred cattle[J]. Anim. Breed Genet, 1996, (113): 157-162.
- [2] 曹红鹤,等. 探讨微卫星 DNA 作为皮埃蒙特和南阳杂交牛生长性状的遗传标记[J]. 遗传学报, 1999, 6: 62-626.
- [3] 金海国,等. 微卫星 DNA 与延边黄牛肉用生长性状关系的初步探讨[J]. 中国兽医学报, 2004, 24(3): 285-288.
- [4] 于洪春. 草原红牛导血后产肉性能分析[J]. 黄牛杂志, 1998, 24(3): 25-26.
- [5] 胡成华,等. 草原红牛与利木赞杂交后增重效果的观察[J]. 黄牛杂志, 1999, 25(1): 32-33.
- [6] 黄培堂,等译. 分子克隆实验指南(第 3 版)[M]. 北京: 科学出版社, 2002, 463-471.
- [7] 曹红鹤. 意大利皮埃蒙特肉用牛线性体型评分方法[J]. 黄牛杂志, 1999, 25(4): 17-19.
- [8] Charlier C. The mh gene using double muscling in cattle maps to bovine chromosome 2 [J]. Mammalian Genome, 1995, 6: 788-792.
- [9] E. Casas, et al. Association of the muscle hypertrophy locus with carcass traits in beef cattle[J]. Anim. Sci. 1998. 76: 468-473.
- [10] 张伟峰,等. 牛双肌性状的研究进展及其应用[J]. 草食家畜, 1998, (2): 1-5.

## Studies on the Relation between Microsatellite Markers and Production Traits of Grassland Red Cattle and Its Hybrids

ZHAO Yu-min<sup>1</sup>, YANG Guo-zhong<sup>2</sup>, ZHANG Jia-bao<sup>3</sup>, et al.

(1. Branch of Animal Science, Academy of Agricultural Sciences of Jilin Province, Gongzhuling 136100, China)

**Abstract:** In this study, 40 individuals of grassland red cattle(GLRC) and its improved hybrid by Limousine(LM) were chosen as test population. The muscularity evaluation traits in the regulation of linear valuation and slaughtering meaty traits were used to evaluate their beef performance traits, and the body measurement traits and body weight were used to evaluate their growth and development. The relation of 21 traits in a population of 40 cattle and 8 microsatellite markers was analyzed using SPSS. The results showed that, for microsatellite loci IDVGA55, allele C(203 bp) had a positive correlation with body height, height at hip cross (HHC) and height at capitulum body measurement traits. For BM2113, allele C(142 bp) had a positive correlation with gam girth, net meat weight and net meat rate. For ETH225, allele A(123 bp) had a positive correlation with waist corner width. For IDVGA46, allele C(211 bp) had a negative correlation with the five muscularity evaluation and four slaughter meaty traits. For BM1824, allele A(171 bp) had a positive correlation with height at hip cross(HHC) and loin thickness, and allele C(179 bp) had a positive correlation with chest depth. For TGLA44, allele E(221 bp) had a positive correlation with withers, loin thickness, buttocks shape, body weight, carcass weight and net meat weight.

**Key words:** Grassland red cattle (GLRC); Production trait; Microsatellite DNA

(上接第 28 页)豆产量有明显的影 响。而重耙、轻耙与深翻加轻耙的产量相比有所降低,但这两种耕作措施之间的产量差异不明显。

从表 6 中可以看出,不同施肥水平间有极显著的差异。其中 B<sub>2</sub>、B<sub>3</sub> 和 B<sub>1</sub>、B<sub>4</sub> 之间差异极显著,B<sub>2</sub> 与 B<sub>3</sub> 无显著差异。

表 5 A 因素多重比较

处理	产量 (kg/100 m <sup>2</sup> )	差异显著性	
		5%	1%
A <sub>1</sub>	21.78	a	A
A <sub>2</sub>	20.70	b	B
A <sub>3</sub>	20.39	b	B

表 6 B 因素多重比较

处理	产量 (kg/100 m <sup>2</sup> )	差异显著性	
		5%	1%
B <sub>2</sub>	21.98	a	A
B <sub>3</sub>	21.24	ab	AB
B <sub>1</sub>	20.48	bc	B
B <sub>4</sub>	20.11	c	B

### 3 结论与讨论

水改旱后的耕地,第 1 年底肥不施磷酸二铵,作物的产量会明显降低,但施用量不宜过多,否则会造成大豆营养生长过旺,产量降低,经济效益下降。

从耕作措施看,由于水改旱后不深翻,土壤易板结,而且通透性较差,第 1 年种植大豆会引起大豆根瘤数量下降,从而导致大豆的产量降低。

从经济效益看,磷酸二铵施用量在 130 kg/hm<sup>2</sup> 时,成本上升,产量降低,经济效益较低;不施磷酸二铵时,成本下降,但产量也明显偏低。所以,磷酸二铵施用量在 70~100 kg/hm<sup>2</sup>,成本不高,而且产量较好,能取得最佳的经济效益。

通过本次试验得出,水改旱后深翻结合轻耙,能破除土壤板结,打破原有水田犁底层,提高土壤的通透性,有利于作物根系的生长发育,能明显提高豆类作物根瘤的数量,作物生长发育良好,单位面积产量较高;在此基础上,第 1 年按种植大豆施用底肥磷酸二铵 70~100 kg/hm<sup>2</sup> 的标准,增产效果明显,并能取得最佳的经济效益。

参考文献:

[1] 向春阳,等.耕作培肥措施对大豆产量的影响[J].大豆科学,2001,20(2):116-119.  
 [2] 韩晓增,等.不同土壤水分条件对大豆产量的影响[J].大豆科学,2003,22(4):269-272.  
 [3] 杜维广.大豆光合作用与产量关系的研究[J].大豆科学,1999,18(2):154-159.