

吉林省大豆育成品种的遗传多样性分析

雷 蕾^{1,2}, 刘 浩², 崔卓灵², 张万年^{1,2}, 李志刚¹, 赵丽梅², 邱红梅^{2*},
张春宝^{1,2*}

(1. 内蒙古民族大学农学院, 内蒙古 通辽 028042; 2. 吉林省农业科学院大豆研究所, 长春 130033)

摘 要:吉林省是我国重要的大豆产区,明确吉林省大豆育成品种的遗传多样性特点,可以为本地区大豆品种选育和遗传改良提供一定的理论支撑。本研究利用14个与产量性状连锁的SSR标记,对38份吉林省审定的大豆品种进行遗传多样性分析。结果表明:14个SSR标记在38份试验材料中共检测到31个等位变异位点,平均每个位点2.2143个,等位变异数2~4个;多态信息含量0.0948~0.5454,平均为0.3357;基因多样性指数均值为0.4121,Shannon信息指数均值为0.6262。聚类分析38份大豆品种被划分为两个类群,其中类群II可进一步分为4个亚群;38份品种间的遗传距离在0~0.9286,平均为0.4107,表明供试品种的遗传多样性不够丰富。因此,在今后新品种选育过程中应当加强国外资源、地方品种、野生大豆血缘材料和不同生态区品种利用,提高吉林省大豆品种的遗传多样性,进而推动单产持续提升。

关键词:大豆;品种;遗传多样性;SSR标记

中图分类号:S565.1

文献标识码:A

文章编号:2096-5877(2022)03-0001-04

Genetic Diversity Analysis of Soybean Breeding Varieties in Jilin Province

LEI Lei^{1,2}, LIU Hao², CUI Zhuoling², ZHANG Wannian^{1,2}, LI Zhigang¹, ZHAO Limei², QIU Hongmei^{2*},
ZHANG Chunbao^{1,2*}

(1. College of Agriculture, Inner Mongolia Minzu University, Tongliao 028042; 2. Soybean Research Institute, Jilin Academy of Agricultural Sciences, Changchun 130033, China)

Abstract: Jilin Province is an important soybean producing area in China. A clear understanding of the genetic diversity characteristics of soybean varieties in Jilin Province can provide a certain theoretical support for the breeding and genetic improvement of soybean varieties in this region. In this study, 14 yield trait-linked SSR markers were used to analyze the genetic relationship and genetic diversity of 38 soybean varieties approved in Jilin Province. The results showed that: 14 pairs of SSR markers detected a total of 31 allelic variation sites in 38 test materials, with an average of 2.2143 allelic variation sites per site, and the allelic variation number was between 2 and 4; The range of polymorphism information content was 0.0948. The mean value of gene diversity index was 0.4121, and the mean value of Shannon information index was 0.6262. The test materials were divided into two groups, of which group II could be further divided into 4 subgroups; the genetic distance among the 38 varieties was between 0 and 0.9286, with an average of 0.4107, indicating that the genetic diversity among the tested varieties was not rich enough. Therefore, in the future breeding of new varieties, the gene exchange between foreign resources, local varieties, wild soybean blood materials and varieties in different ecological regions should be strengthened to improve the genetic diversity of soybean varieties in Jilin Province, thereby promoting the continuous improvement of yield per unit area.

Key words: Soybean; Varieties; Genetic diversity; SSR marker

大豆(*Glycine max* L.)是我国重要的粮油兼用

作物,更是食用及饲用蛋白的重要来源^[1]。随着人们生活水平的不断提高,对大豆的需求量也与日俱增,因此需要依靠大量进口以满足生产生活需求。据海关总署公开数据,2021年我国大豆进口量达到了9 652万吨,对外依存度高达85%^[2]。吉林省位于我国东北中部,气候条件和土壤条件非常适合大豆种植^[3],有“大豆之乡”的美誉,是我国重要的大豆产区。近年来,由于地处“黄金玉

收稿日期:2021-05-16

基金项目:国家大豆产业技术体系建设项目(CARS-04);吉林省农业科技创新工程重大项目(CXGC2021ZD002)

作者简介:雷 蕾(1996-),女,在读硕士,主要从事大豆遗传育种研究。

通讯作者:张春宝,男,博士,研究员,E-mail: cbzhang@cjaas.com
邱红梅,女,硕士,副研究员,E-mail: qhm2001-2005@163.com

米带”,玉米种植效益显著高于大豆,农民种植大豆意愿逐年下降,2021年吉林省大豆种植面积已萎缩至380万亩左右。因此,选育和推广高产、优质适于吉林省各生育期种植的高产、优质大豆品种是提高比较效益,增加农民种豆积极性的关键。品种遗传改良进度的提升,可有效提高大豆单产。虽然我国是大豆起源国,但在东北主要产区仍存在育成品种遗传基础狭窄的问题^[4]。因此,探究吉林省育成品种的遗传多样性特点,可以为本地区大豆品种选育和遗传改良提供理论支撑。

简单重复序列 (simple sequence repeat, SSR) 分子标记具有重复性高、多态性好、操作简单等优点,被广泛用于作物遗传多样性分析^[5-7]。刘小敏^[8]利用126个SSR标记分析了345份中国大豆育成品种的遗传多样性,发现三大产区多态性信息数值PIC值由大到小依次是黄淮海、南方和东北地区,分别为0.81、0.74和0.64;群体遗传结构研究表明,345份育成品种聚类成7个亚群。刘晗^[9]利用186个SSR标记对140份东北地区大豆育成品种进行遗传聚类发现,东北地区品种可分黑龙江育成品种、吉林育成品种、辽宁育成品种三个亚群,其中黑龙江亚群还可进一步分为3个小亚群。刘嘉霖等^[10]利用与大豆产量性状QTL紧密相关的99个SSR标记,对黄淮海和南方产区的105份大豆育成品种进行聚类和群体遗传结构分析,二者均可将上述品种划分为3个类群,结果高度一致,而且与大豆育成品种在主要家族系谱中代数及各时期亚群的遗传基础相关,大豆育成品种遗传多样性水平具有一定的时期特征,其总体水平呈递增趋势。由上述研究可见,利用SSR标记对大豆育成品种进行遗传多样性和遗传结构分析结果可靠,可以有效地指导育种家有针对性地选育品种和遗传改良。

本研究利用前期筛选获得具有较好多态性的与大豆籽粒大小、单株粒重、每荚粒数、单株荚数、百粒重、分枝数、主茎节数等7个产量性状连锁的14个SSR标记,对38份吉林省审定的大豆品种(表1)产量性状相关位点进行扫描,开展亲缘关系和遗传多样性分析,以期明确吉林省育成品种的遗传多样性特点,为今后吉林省大豆品种选育和遗传改良提供有效思路。

1 材料与方 法

1.1 试验材料

本研究所用38份吉林省审定大豆品种均为

吉林省农业科学院大豆研究所收集保存,品种具体信息见表1。

表1 38份吉林省审定的大豆品种

品种名	母本	父本
吉林3号	金元1号	铁英四粒黄
吉林16	吉林1号	十胜长叶
吉林27	公交7832-3	吉林20
吉林28	公交7424-1	大嘟噜豆
吉林31	吉林20	Marshall
吉林38	公交85035	吉林30
吉林39	吉林20	辽77-3072-M4
吉育58	以公交8631-85为核心母本,以合丰23、合丰25、黑河9、黑交83-889、哈交87-1087、公交8945F2-1等为父本组,随机杂交选育而成	
吉育71	公交9169-41	公交9397-30
吉育86	公交93142B-28	九农25
吉育89	JY9216	吉林3号
吉育101	公野8503	吉林28
吉育104	公野9105	吉林28
吉育202	A1900	Suzumaru
吉育406	公交94198-1	CK-P
吉农9号	以地方品种山城豆为受体亲本,以花生吉花引1号为供体亲本,利用花粉管通道技术,将供体亲本DNA导入受体亲本,系统选育而成	
吉农13	开育9号	长农4号
吉农18	引进的美国早代株系JY9379,经多年系统选育而成	
吉农22	长农5号	美引1号
吉农27	荷引10号	吉农8601-26
吉农44	CN05-9	CN05-18
吉农48	吉农15	吉农18
九农20	九交8014-21-2	吉林20
九农21	MB152	吉林20
九农28	九交7714-1-12F	九交8909-16-3
九农34	九交8799	Century-2
长农4号	立新9号	长交7122
长农17	公交83145-10	生85183-3
长农19	公交83145-10	生85183-3
长农20	东农93-86	黑农36
长农21	公交83145-10	生85183-3
长农27	公交83145-10	生85185-3-5
长农54	吉育89	中黄35
通农1号	未知地方品种,经多年系统选育而成	
延农11	合丰25	长农5号
吉小粒豆6号	公野9140-5	公野8648
欧科豆25	黑农38	吉农10号
吉科豆11	长农9号	Hobbit

1.2 分子标记

本课题前期筛选的与大豆籽粒大小、单株粒

重、每荚粒数、单株荚数、百粒重、分枝数、主茎节数共7个农艺性状连锁的14个SSR标记^[11]。

1.3 基因组DNA准备

选取38份试验材料田间种植,于V2期取新鲜叶片,提取大豆DNA,具体提取方法以及质量检测参照郭凤兰等^[12]所用方法。

1.4 PCR扩增及电泳检测

PCR反应体系、电泳检测参照张颖^[13]所用方法,最后通过紫外凝胶成像仪成像,记录条带数据。

1.5 数据统计与分析

根据电泳条带迁移的位置对试验结果进行统计,同一位置条带以同一数字进行记录,缺失条带记为“9”。利用PowerMarker v3.25^[14]软件计算种间遗传距离,利用Excel软件记录试验结果,绘制遗传距离矩阵图。使用POPGEN 32软件和PowerMarker v3.25软件,根据SSR结果计算供试材料的遗传多样性指标;利用PowerMarker v3.25采用算术平均非加权方法对亲本材料进行聚类分析。

2 结果与分析

2.1 SSR标记多态性分析

利用PowerMarker v3.25进行SSR标记多态性分析,结果见表2。14个SSR标记共检测到31个等位变异位点,等位变异数为2~4个,平均为2.2143个。其中BARCSOYSSR_06_1581标记等位基因最多,检测到4个等位基因,BARCSOYSSR_13_0340标记等位基因为3个,其余标记均检测出2

个等位基因。主要等位基因频率范围在0.4167~0.9474,主要等位基因频率的平均值为0.6688。SSR标记的多态信息含量在0.0948~0.5454,平均值为0.3357。

2.2 遗传多样性分析

使用POPGEN 32软件根据SSR结果计算供试材料的遗传多样性指标,如表3所示。其中有效等位基因数为1.7823,Nei's基因多样性指数为0.4121,Shannon信息指数为0.6262。综合上述分析结果可以看出,由于Na和Ne数值相差较大,说明等位基因在群体间分布不均匀,遗传多样性较低。

表3 供试品种的遗传多样性指标

品种数	有效等位基因数	Nei's基因多样性指数	Shannon信息指数
38	1.7823	0.4121	0.6262

2.3 遗传距离分析

利用PowerMarker v3.25对38份品种的基因型数据进行分析,绘制遗传距离矩阵图。结果发现,品种间遗传距离在0~0.9286,平均为0.4107。其中长农17和长农19亲缘关系最近,遗传距离为0,主要是由于二者双亲相同;遗传距离较远的为长农54和吉林38,遗传距离为0.9286(表4),推测造成二者遗传距离较远的原因是长农54的亲本血缘比较丰富,其母本为黄淮大豆品种中黄35,而父本吉育89更是含有野生大豆和国外品种的血缘。

2.4 亲缘关系分析

基于Nei's遗传距离对38个品种绘制遗传聚类图(图1)。从图中可以看出,38个品种被清晰划分为两个类群,类群I包含5个品种,其中长农54、吉育89、吉农18、吉农48均含有国外血缘,吉

表2 SSR标记多态性分析结果

编号	SSR标记	主效基因频率	等位变异数	多态信息含量
1	BARCSOYSSR_02_1667	0.5000	2.0000	0.3750
2	BARCSOYSSR_04_0034	0.7222	2.0000	0.3207
3	BARCSOYSSR_06_0778	0.7368	2.0000	0.3126
4	BARCSOYSSR_12_1142	0.8421	2.0000	0.2306
5	BARCSOYSSR_13_0272	0.7429	2.0000	0.3091
6	BARCSOYSSR_13_0340	0.4167	3.0000	0.5454
7	BARCSOYSSR_07_0109	0.5263	2.0000	0.3743
8	BARCSOYSSR_11_0482	0.7297	2.0000	0.3167
9	BARCSOYSSR_11_0342	0.6842	2.0000	0.3388
10	BARCSOYSSR_19_1071	0.9474	2.0000	0.0948
11	BARCSOYSSR_06_1581	0.5676	4.0000	0.4941
12	BARCSOYSSR_13_1098	0.5000	2.0000	0.3750
13	BARCSOYSSR_01_1571	0.6316	2.0000	0.3571
14	BARCSOYSSR_13_1271	0.8158	2.0000	0.2554
	平均值	0.6688	2.2143	0.3357

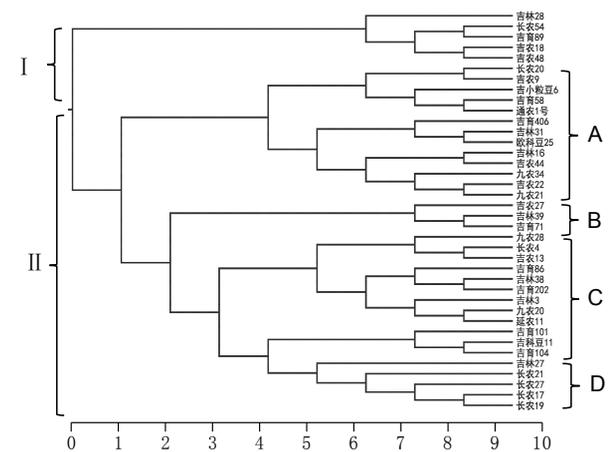


图1 38份吉林省审定品种聚类图

表4 基于SSR标记的部分品种间遗传距离矩阵

遗传距离	长农17	长农19	长农54	吉林16	吉林28	吉林31	吉林38	吉农18	吉农22	吉农44	吉农48	九农21	九农34	吉育406	吉育89
长农17		0.0000	0.6429	0.2857	0.7143	0.2857	0.2857	0.6429	0.4286	0.3077	0.5000	0.3846	0.5000	0.3571	0.7143
长农19	0.0000		0.6429	0.2857	0.7143	0.2857	0.2857	0.6429	0.4286	0.3077	0.5000	0.3846	0.5000	0.3571	0.7143
长农54	0.6429	0.6429		0.6429	0.3571	0.5714	0.9286	0.4286	0.5000	0.4615	0.4286	0.5385	0.4286	0.4286	0.2143
吉林16	0.2857	0.2857	0.6429		0.5000	0.2143	0.3571	0.5714	0.2857	0.2308	0.3571	0.3077	0.2857	0.3571	0.5714
吉林28	0.7143	0.7143	0.3571	0.5000		0.5000	0.5714	0.4286	0.5000	0.5385	0.3571	0.3077	0.3571	0.5000	0.4286
吉林31	0.2857	0.2857	0.5714	0.2143	0.5000		0.4286	0.5714	0.2857	0.2308	0.2857	0.2308	0.4286	0.2857	0.5000
吉林38	0.2857	0.2857	0.9286	0.3571	0.5714	0.4286		0.5714	0.5000	0.4615	0.5000	0.3846	0.5000	0.5000	0.7143
吉农18	0.6429	0.6429	0.4286	0.5714	0.4286	0.5714	0.5714		0.4286	0.4615	0.2857	0.4615	0.3571	0.4286	0.2143
吉农22	0.4286	0.4286	0.5000	0.2857	0.5000	0.2857	0.5000	0.4286		0.3077	0.3571	0.1538	0.2857	0.3571	0.4286
吉农44	0.3077	0.3077	0.4615	0.2308	0.5385	0.2308	0.4615	0.4615	0.3077		0.3077	0.3333	0.3077	0.4615	0.3846
吉农48	0.5000	0.5000	0.4286	0.3571	0.3571	0.2857	0.5000	0.2857	0.3571	0.3077		0.2308	0.4286	0.2857	0.2143
九农21	0.3846	0.3846	0.5385	0.3077	0.3077	0.2308	0.3846	0.4615	0.1538	0.3333	0.2308		0.3077	0.3077	0.4615
九农34	0.5000	0.5000	0.4286	0.2857	0.3571	0.4286	0.5000	0.3571	0.2857	0.3077	0.4286	0.3077		0.4286	0.3571
吉育406	0.3571	0.3571	0.4286	0.3571	0.5000	0.2857	0.5000	0.4286	0.3571	0.4615	0.2857	0.3077	0.4286		0.3571
吉育89	0.7143	0.7143	0.2143	0.5714	0.4286	0.5000	0.7143	0.2143	0.4286	0.3846	0.2143	0.4615	0.3571	0.3571	

林28亲本之一则为地方品种大嘟噜豆。类群II包含33个品种,并可划分为A、B、C、D共4个亚群,其中亚群A包含的13个品种中,吉农22、吉农44、吉林16、吉林31、九农21、九农34和吉育406等品种的亲本之一为国外材料。

3 讨论

我国现代大豆育种工作始于吉林公主岭农事试验场,1916年通过系统选种育成现代大豆品种“黄宝珠”,截至2020年底我国累计审定大豆品种已达3112个^[15],其中吉林省育成品种占12%左右,为我国大豆单产水平的提升作出了重要贡献。然而,近年来吉林省大豆平均单产水平提升缓慢,这其中主要原因是由于吉林省东部冷凉山区及西部干旱盐碱低产田不适宜种植玉米等效益高的作物,被广泛用于种植大豆,导致平均单产被拉低所致。但是吉林省大豆品种遗传进度提升缓慢,单产增幅难有大的突破,也是其中不可忽视的因素。因此探索吉林省大豆育成品种的遗传多样性,用于指导品种选育和遗传改良具有一定理论意义。Zhang等^[16]利用15个SSR标记对56份吉林大豆和14个省份的16份大豆进行多样性分析,发现吉林省育成品种较14省份品种的遗传基础狭窄。张春宝等^[17]利用SRAP标记对东北地区14份育成品种、5份国外品种及1份地方品种进行了遗传多样性分析,同样发现供试的品种遗传背景狭窄,黑龙江、吉林两省大豆品种之间遗传相似性较高。

本研究根据大豆产量形成因素中的籽粒大小、单株粒重、每荚粒数、单株荚数、百粒重、分枝数、主茎节数等7个主要性状,选取上述性状紧密连锁的14个SSR标记,对38份吉林省审定的大豆品种进行遗传多样性分析,发现上述品种多态信息含量范围在0.094 8~0.545 4,平均为0.335 7;基因多样性指数均值为0.412 1,Shannon信息指数均值为0.626 2,遗传距离在0~0.928 6,平均为0.410 7。虽然38个品种可明显划分为两个类群,但是类群I仅有5个品种,这些品种基本都有国外或地方品种血缘。33个品种被划入类群II,可见上述品种的遗传多样性较低,遗传相似性较高。长农17、长农19、长农21和长农27均选用同一母本公交83145-10进行组配;吉农48和长农54分别含有吉农18和吉育89的50%血缘;吉林27、吉林31、吉林39、九农20均含有50%吉林20的血缘,这都导致了本研究所用品种的亲缘关系较近,遗传多样性不够,丰富度有待提高。

赵洪锬等^[18]和吕祝章等^[19]研究发现东北大豆育成品种遗传多样性低于野生大豆,为拓宽育成品种的遗传基础可以选择与野生大豆杂交来实现。本研究中发现母本引入了野生大豆GD50112血缘的吉育89被聚在类群I,而以吉育89为母本育成的长农54同样被划入类群I,可见通过引入野生大豆血缘,可显著拓宽育成品种的遗传多样性。由于野生大豆含有一些不利于现代育种需求的性状,因此除了利用野生大豆血缘材料外,引入同生育期国外血缘的材料则是更(下转第20页)

- [21] 徐明岗,李菊梅,李冬初,等.控释氮肥对双季水稻生长及氮肥利用率的影响[J].植物营养与肥料学报,2009,15(5):1010-1015.
- [22] 高良艳,周鸿飞.水稻产量构成因素与产量的分析[J].辽宁农业科学,2007(1):26-28.
- [23] 杨春刚,王金明,邱志刚,等.氮肥用量和栽插密度对吉粳513产量及品质的影响[J].东北农业科学,2017,42(2):6-9.
- [24] 张笑寒. CRISPR/Cas9 定点编辑 OsGA20ox2 基因降低水稻株高研究[D]. 贵阳:贵州大学,2016.
- [25] 陈俊宇,张振华,庄杰云.水稻株高QTL及其与产量性状和抽穗期关系的研究进展[J].福建稻麦科技,2012,30(1):66-71.
- [26] 唐拴虎,陈建生,徐培智,等.控释肥料氮素释放与水稻吸收动态研究[J].土壤通报,2004,35(2):186-190.
- [27] Pan S, Wen X, Wang Z, et al. Benefits of mechanized deep placement of nitrogen fertilizer in direct-seeded rice in South China [J]. Field Crop Research, 2017, 203:139-149.
- [28] 叶世超,林忠成,戴其根,等.施氮量对稻季氮挥发特点与氮素利用的影响[J].中国水稻科学,2011,25(1):71-78.

(责任编辑:王 昱)

(上接第4页)为快捷有效的途径。董博洋^[20]认为吉农号大豆品种的成功培育得益于国外血缘的利用,对吉林省2010~2020年审定的大豆品种进行系谱分析发现,国外血缘作为亲本的占比均值仅为16.9%,与全国其他省份和地区相比属于偏低的水平。本研究中,类群I中5个品种有4个具有国外血缘,1个品种亲本为地方品种。类群II的亚群A中有8个品种的亲本之一同样为国外引进资源。另外,本研究所用的吉农18为美国引进的早代株系JY9379经多年系统选育而成,而吉育202的父母本则均是国外品种。这些品种在今后育种中作为亲本加以利用,可显著提高吉林省大豆品种的遗传多样性。近年来国外遗传进度较高的品种或资源引进困难,大部分育种单位所用国外品种资源仍是从美国、加拿大、荷兰等国家引进的二十世纪八九十年代的材料,因此下一步拓宽国外资源引进渠道,在本地品种中加入遗传进度更高的国外血缘材料。同时,还应加强国内资源中地方品种、野生大豆血缘材料以及不同生态区品种资源的利用效率,有效提升吉林省乃至东北地区大豆品种的遗传多样性水平,进而推动大豆单产的持续提升。

参考文献:

- [1] 刘忠堂.黑龙江省大豆推广品种脂肪、蛋白质含量地理分布的研究[J].大豆科学,2002,21(4):250-254.
- [2] 孙妍妍,赵丽梅,张伟,等.大豆杂种优势利用研究进展[J].大豆科技,2021(6):26-35.
- [3] 孙 襄.吉林大豆[M].长春:吉林科学技术出版社,2005:1.
- [4] 杨 琪.大豆遗传基础拓宽问题[J].大豆科学,1993,12(1):75-80.
- [5] Thomson M J, Septiningsih E M, Suwardjo F, et al. Genetic diversity analysis of traditional and improved Indonesian rice (*Oryza sativa* L.) germplasm using microsatellite markers[J]. Theor. Appl. Genet., 2007, 114(3): 559-568.
- [6] 郭荣华.我国南方区玉米地方品种遗传多样性研究与群体结构分析[D].雅安:四川农业大学,2008.
- [7] Reig-Valiente J L, Viruel J, Sales E, et al. Genetic Diversity and Population Structure of Rice Varieties Cultivated in Temperate Regions[J]. Rice, 2016, 9(1):58.
- [8] 刘小敏.基于SSR标记的中国大豆育成品种的遗传多样性和遗传结构研究[D].南昌:南昌大学,2014.
- [9] 刘 晗.基于SSR标记的中国东北大豆育成品种遗传多样性及育种性状的关联分析[D].南昌:南昌大学,2011.
- [10] 刘嘉霖,谢慧敏,张 峥,等.基于QTL相关SSR标记分析黄淮海和南方大豆品种的遗传多样性及群体遗传结构[J].中国油料作物学报,2022,44(1):63-71.
- [11] 雷 蕾,关哲允,曹士亮,等.大豆基于产量相关性状SSR分子标记的杂种优势群划分[J].作物杂志. <http://kns.cnki.net/kcms/detail/11.1808.S.20220606.1331.002.html>
- [12] 郭凤兰,林春晶,王鹏年,等.大豆细胞质雄性不育恢复基因 *Gmr1* 的精细定位[J].植物遗传资源学报,2022,23(2):518-526.
- [13] 张 颖.大豆核不育基因 *ms6* 的定位、克隆及功能性分子标记开发[D].长春:吉林农业大学,2021.
- [14] Liu K J, Muse S V. Power Marker: an integrated analysis environment for genetic marker analysis[J]. Bioinformatics, 2005, 21(9):2128-2129.
- [15] 韩天富,周新安,关荣霞,等.大豆种业的昨天、今天和明天[J].中国畜牧业,2021(12):29-34.
- [16] Zhang Y M, Li Y H, Zheng G P, et al. Change of genetic diversity for soybean cultivars from Jilin[J]. Journal of Plant Genetic Resources, 2007, 8(4):456-463.
- [17] 张春宝,邱红梅,赵洪锬,等.东北地区大豆种质遗传多样性的SRAP标记分析[J].大豆科学,2014,33(1):17-22.
- [18] 赵洪锬,王玉民,李启云,等.中国不同纬度野生大豆和栽培大豆SSR分析[J].大豆科学,2001,20(3):172-176.
- [19] 吕祝章,王文哲,梁 青,等.野生大豆育成品种与其亲本间的SSR聚类分析[J].湖北农业科学,2017,56(12):2215-2218.
- [20] 董博洋.国外大豆种质在吉林省大豆品种改良中的作用分析[D].长春:吉林农业大学,2021.

(责任编辑:刘洪霞)