**附件1**

**第30届全国大豆科研生产研讨会论文摘要集投稿须知**

1. 投稿范围：大豆遗传育种、品种资源、生理生态、耕作栽培、植物保护、营养肥料、生物技术、食品加工、药用功能及工业用途、产业经济、农业机械等方面的学术论文摘要、科研报告、研究简报、国内外研究述评、学术活动简讯和新品种介绍等。

2. 审稿与文责：本文集不安排审稿，仅对个别错别字进行校对和格式进行编辑，作者文责自负。

3. 字数及字体要求：800字以内。标题4号宋体加粗，其他为5号宋体。

4. 文稿结构：题目、作者姓名、作者单位、中文关键词、英文题目、英文姓名、英文作者单位、英文关键词及中文摘要正文。

5. 文题：文题要简明确切，一般在20字以内。

6. 作者：作者之间用“ ，”隔开，不同单位的作者在右上角用阿拉伯数字序号标明：单位用全称，后面标明城市及邮政编码。英文姓名用汉语拼音书写，采用姓前名后，姓氏的全部字母用大写，名字的首字母要大写，名中间加连字符，如：LI Gang, LI Xiao-gang。外国作者姓名遵从国际惯例。

7. 中文摘要正文：简明、确切地论述重要研究进展，重点包括研究背景、目的、方法、结果和结论。

8. 图表：文稿中一般不列图表，必须列图表的要尽量精简。

9. 计量单位：采用国家法定计量单位，如：m（米）、s（秒）、min(分）、h（小时）、d（天）、L（升）、kg（千克）、hm2（公顷）、t（吨）、Pa（帕斯卡）、mol（摩尔）、cM（厘摩）、U（酶活力单位）等。溶液浓度用mol·L-1或mg·L-1等表示。M、N、ppm、亩等已停止使用。rpm改为r·min-1，1 M硫酸改为1 mol·L-1，1 N硫酸改为0.5 mol·L-1，亩（667 m2）转换为公顷（hm2）。单位符号不用于无数字的文句中，如每天不写作每d。数字与单位之间须空1个字符。文中数据一律使用阿拉伯数字，外文字母及符号的大小写、正斜体、上下角字母、数字和易混淆的字母必须书写清楚。

10. 参考文献：不列。

11. 其他说明：本文集仅接收word版电子稿件，投稿时请在稿件篇尾注明联系人姓名、手机号码及E-mail。

12. 投稿截止日期：2024年7月31日，逾期不予受理。

13. 论文摘要请发至会务组统一邮箱：[314482467@qq.com](mailto:314482467@qq.com)。

**论文摘要模板**

# **大豆种质重要性状相关SNPs遗传变异特点**

**魏中艳，刘章雄，邱丽娟**

(*农作物基因资源与遗传改良国家重大科学工程/农业部北京大豆生物学重点实验室/中国农业科学院作物科学研究所，北京 100081*)

**关键词：大豆；遗传结构；SNPs；遗传多样性**

**Genetic variation of SNPs related to important traits of soybean germplasm**

**WEI Zhong-yan, LIU Zhang-xiong, QIU Li-juan**

(*National Key Facility for Crop Gene Resources and Genetic Improvement* (*NFCRI*) */ Key Lab of Soybean Biology, Ministry of Agriculture, Institute of Crop Sciences, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081, China*)

**Keywords: Soybean; Genetic structure; SNPs; Genetic diversity**

大豆种质资源遗传多样性的传统鉴定方法是根据农艺性状来分析其遗传变异。随着品种资源数目的增加，仅仅基于这些特性还不能完全反映资源遗传变异的全貌。本研究的实验材料为599份大豆种质，选用分布在13个基因的23个SNPs标记对这些大豆种质进行基因型鉴定和遗传多样性分析。结果表明，SNP标记的遗传多样性指数范围0~0.722，其中3个SNPs无多态性，2个SNPs为特异等位变异。供试的品种中北方生态区208个品种间的平均遗传相似系数为0.8295；黄淮海生态区245个品种间的平均遗传相似系数为0.7941；南方生态区146个品种间的平均遗传相似系数为0.7982。即北方生态区品种间遗传差异最大，南方生态区次之，黄淮海生态区品种间遗传差异最小。其中有3个SNP位点主要基因型与种质来源具有一定的规律性，即绒毛色相关SNP位点TT8，熟期相关SNP位点TT11和花叶病毒病相关SNP位点SER32在三个生态类型中的基因型分布存在显著差异，随着纬度的降低，TT8的主要基因型A变异频率由34.3%增加到85.5%，TT11的主要基因型A变异频率由84.0%减少到33.1%，SER32的主要基因型G变异频率由81.2%减少到45.1%。这些研究结果表明，大豆重要性状相关SNPs在大豆种质中变异广泛，一些SNPs与大豆种质来源呈现显著相关。通过对重要性状相关SNPs位点进行鉴定，可以从遗传水平上解析大豆重要性状遗传变异规律，为大豆种质的全面解析和利用提供理论基础、技术和材料支撑。

**联系人：**邱丽娟，010-82105840，qiulijuan@caas.cn