

栽培×野生大豆2个重组自交家系群体种子耐淹性遗传分析

刘瑞君,靖 静,李 志,王自力,栗旭亮,孔杰杰,盖钧镒,赵团结

(南京农业大学 大豆研究所/国家大豆改良中心/作物遗传与种质创新国家重点实验室,江苏 南京 210095)

摘要:大豆播种后遭受洪涝灾害会严重影响出苗率,往往导致减产,选育耐淹大豆品种是防灾避害的有效途径。以种子不耐淹水的2个栽培大豆南农493-1、南农86-4分别与耐淹野生大豆PI342618B杂交衍生的NJRISP和NJRINP重组自交家系群体为材料,研究其在72 h淹水处理下种子耐淹性的变异与遗传。结果表明:淹水条件下供试群体家系间发芽率存在显著差异,遗传变异大。发芽势、发芽率及豆芽根长、芽长性状有较高的遗传率,且各性状之间呈现高度正相关。主基因+多基因分离分析方法分析发现淹水条件下2个群体大豆发芽势和发芽率遗传符合4对主基因模型(H或I模型),主基因遗传率达93%以上,多基因效应较低,耐性等位基因来自野生大豆亲本。野生大豆中蕴含优异耐淹基因资源,可为大豆耐涝育种提供优异基因。

关键词:大豆;重组自交家系;种子耐淹性;主基因+多基因混合遗传模型;分离分析

中图分类号:S565.1

文献标识码:A

文章编号:1000-9841(2013)05-0581-06

Genetic Analysis of Seed Germination Characters under Submergence Stress in Two Recombinant Inbred Line Populations of *Glycine max* × *Glycine soja*

LIU Rui-jun, JING Jing, LI Zhi, WANG Zi-li, LI Xu-liang, KONG Jie-jie, GAI Jun-yi, ZHAO Tuan-jie

(Soybean Research Institute of Nanjing Agricultural University/National Center for Soybean Improvement/National Key Laboratory for Crop Genetics and Germplasm Enhancement, Nanjing 210095, China)

Abstract: Flooding stress after soybean planting can cause poor seedling stand and consequently yield reduction. Development of soybean cultivars with good waterlogging tolerance is one of the most effective ways to reduce production loss. In the present paper, two recombinant inbred line populations, NJRISP and NJRINP, derived from the crosses between two sensitive cultivars Nannong 493-1, Nannong 86-4 and one tolerant wild soybean PI342618B were used to reveal the variation and inheritance of the tolerance to seed-submergence at germination stage. It showed that there were significant differences and high genetic variation in the RIL populations. The heritability values of the germination rate at 3 and 5 d after treatment, root length and sprout length were higher than those of other indicators, and there were highly positive correlations among the four traits. The results from segregation analysis under major genes plus polygene mixed inheritance model showed that the inheritance of germination rate at 3 d and 5 d after treatment fitted four major genes model (H or I genetic model). The values of major gene heritability were more than 93%, and the polygene's were relatively low. All the tolerant alleles were only detected in wild soybean, indicating the existence of elite tolerant genes for soybean tolerance breeding.

Key words: Soybean; Recombinant inbred lines (RIL); Seed-submergence tolerance; Major genes plus polygene mixed inheritance model; Separation analysis

我国大部分地区降雨多集中在夏季,大豆在播种后、苗期、生殖生长期均可能受渍涝逆境影响,渍涝成为我国大豆生产主要的非生物逆境灾害之一^[1-2]。大豆是子叶出土作物,种子较大,出苗能力相对较弱。大豆播种后如遭受连续阴雨,会因土壤水分过多而受淹,长时间淹水缺氧会导致大豆发芽困难,甚至腐烂,严重影响出苗,进而影响大豆产量。选育和种植种子耐淹品种,可以有效减少涝害可能带来的损失,提高生产效益^[2]。

研究表明大豆种子发芽对淹水较敏感,吸涨后淹水48 h发芽率显著下降^[3]。其原因较多,一方面

淹水条件下种子快速吸涨易使组织受损,同时因缺氧会影响种子呼吸等代谢过程,还会导致易感病害,最终影响发芽^[4-5]。大豆种质资源中种子耐淹性差异较大,并且与种皮色有关。Hou和Thseng发现730份栽培大豆种子耐淹性存在很大差异,并且与种皮色有关,黑种皮耐淹性好于黄种皮材料。来自南美、印度、东南亚的许多材料耐性较好,并从中筛选出8份高度耐淹种质^[6]。野生大豆具有较强的耐逆性,王芳等^[7]筛选出N24835(PI342618B)等苗期耐淹性极强的野生大豆优异种质。Hou和Thseng^[8]以淹水条件下发芽率为指标对6个栽培大豆

收稿日期:2013-05-03

基金项目:国家高技术研究发展计划“863计划”(2012AA101106);国家自然科学基金(31271750,31071442);南京农业大学SRT项目(1211A31)。

第一作者简介:刘瑞君(1992-),女,在读学士,主要从事大豆抗逆育种研究。E-mail:11210206@njau.edu.cn。

通讯作者:赵团结(1969-),男,教授,博士生导师,主要从事大豆遗传育种研究。E-mail:tjzhao@njau.edu.cn。

亲本按双列杂交配制的30个组合F₂种子进行遗传分析,结果表明种子耐淹性由少数遗传因子控制,平均狭义遗传力为0.47,同时存在加性和显性效应,耐淹亲本含有较多隐性基因。Sayama等^[9]利用栽培大豆Peking×Tamahomare的重组自交家系群体,以相对发芽率、相对正常幼苗率等指标定位了4个大豆发芽期的耐淹QTL *Sft1*~*Sft4*,找到连锁的SSR标记Sat_175、Satt187、Satt338和Sat_279。从具中等耐淹性的黄种皮亲本Enrei中定位一个不同于耐性亲本Peking的QTL^[4]。

作物耐涝性是复杂数量性状,遗传和QTL定位研究也发现存在少数主效基因/QTL^[10-12],大豆耐涝性研究也发现类似现象,如NJRISX重组自交系群体苗期耐涝性为2对连锁主基因+多基因遗传,主基因遗传率为62.83%,多基因的遗传率为8.90%,QTL定位与遗传分析结果相对一致^[13]。盖钧镒等^[14]指出控制数量性状的基因在效应上存在很大的差异,效应比较大的基因表现出主基因的特性,效应比较小的表现为微效多基因的特性。将主基因+多基因混合遗传模型看作植物数量性状的通用性模型,单独主基因和单纯多基因模型看成其特例,从而发展了适合植物数量性状遗传分析的主基因+多基因混合遗传模型分离分析法,可较全面了解目标性状的遗传规律。现利用种子耐淹性强的野生大豆PI342618B与栽培大豆配制的2个重组自交系群体,采用主基因+多基因混合遗传模型分离分析法研究耐涝野生大豆耐淹性的遗传规律,以期发掘和利用该野生大豆优异基因资源提供依据。

1 材料与方法

1.1 材料

以栽培大豆南农493-1、南农86-4为母本,野生大豆PI342618B为父本分别育成NJRISP(南农493-1×PI342618B)和NJRINP(南农86-4×PI342618B)重组自交家系(RIL)群体。南农493-1是南方大豆育种骨干亲本,南农86-4是从骨干亲本南农1138-2通过自然变异选择育种获得。PI342618B是俄罗斯野生大豆,表现极强的芽期耐逆性。NJRISP群体共有155个F_{2:7}代家系,NJRINP群体共有286个F_{2:8}家系,采用2011年在南京农业大学江浦农学试验站进行鉴定试验所收获的种子。

1.2 表型试验与数据调查

1.2.1 不同淹水时间处理的亲本耐淹性差异鉴定 利用NJRISP和NJRINP群体的亲本南农493-1、

南农86-4、PI342618B进行6个淹水时间梯度处理(0,36,48,60,72,84h),随机区组设计,3次重复。试验流程参考Sayama等^[9]的方法。精选籽粒饱满,种皮完好,大小均匀的种子(野生大豆切皮),在60%的酒精中灭菌1min,经蒸馏水1次清洗3次淋洗,风干后放在盛有100mL蒸馏水的250mL塑料杯中,25℃条件下时浸泡处理,处理结束后转入培养皿按常规发芽试验规程培养。处理结束3,5d时分别调查发芽数和正常幼苗数。超过1cm胚根的种子为发芽,子叶和胚根没有任何破坏的幼苗为正常幼苗;不发芽,有发霉或腐烂的为不正常幼苗。不淹水对照按常规发芽试验规程进行。

1.2.2 家系发芽期耐淹性鉴定 家系耐淹鉴定设0h(对照)和72h淹水处理,处理方法同1.2.1。3次重复,随机区组设计。淹水处理结束后3,5d时调查发芽数和正常幼苗数,5d时分别测量5株豆芽的根长和芽长(以出现侧根位置为准区分)。耐淹性鉴定指标包括淹水条件下发芽势(3d时)、发芽率(5d时)和正常幼苗率、5d时的豆芽根长、芽长以及3,5d时相对发芽率和正常幼苗率。相对发芽率和正常幼苗率计算公式如下:

相对发芽率(%) = 淹水处理的发芽率 ÷ 对照的发芽率 × 100

相对正常幼苗率(%) = 淹水处理中正常幼苗率 ÷ 对照中正常幼苗率 × 100。

1.3 数据分析

对3d发芽率、5d发芽率(百分数)先用反正弦转换,运用Excel 2007进行描述统计分析,采用SAS 9.0和SPSS 18.0统计软件进行方差分析和相关分析并根据方差分析结果计算遗传率^[15]。

应用重组自交家系群体4对主基因加多基因混合遗传模型分离分析方法对亲本及家系的耐淹水性进行遗传分析^[16]。

2 结果与分析

2.1 不同淹水时间下RIL群体亲本种子的发芽率

野生大豆亲本PI342618B种子在淹水处理84h后的发芽势和发芽率均可达到91.7%,与对照差异不显著;南农86-4淹水48h种子发芽势(93.3%)与对照(95.0%)无显著差异,但淹水60h后发芽势和发芽率快速下降,分别只有47.5%和37.5%,一些发芽种子腐烂或异常,淹水72h和84h后的发芽率与淹水60h相差不大;南农493-1在淹水36h后发芽势(41.7%)和发芽率(28.3%)均显著低于

对照的 80.5% 和 83.3%,淹水 72 h 后种子发芽势和发芽率最低,只有 20% 和 15%。总体来看,大豆种子具有一定的耐淹水特性,但不同材料间差异较大,3 个亲本种子耐淹性表现为 PI342618B > 南农 86-4 > 南农 493-1,野生大豆具有优良的种子耐淹水特性。最终确定以淹水 72 h 作为模拟逆境条件对 2 个 RIL 群体进行处理。

2.2 两个 RIL 群体耐淹相关性状表现

淹水处理 72 h 后,野生大豆发芽势和发芽率均为 93.3%,高于对照的 86.7% 和 90.0%;栽培大豆亲本南农 86-4 分别为 53.33% 和 48.33%,显著低于对照(发芽势和发芽率分别为 95.0% 和 78.3%);南农 493-1 则降至 20.0% 和 15.0%,对照相对应值

则为 71.7% 和 78.3%。表 1 列出 NJRISP 和 NJRINP 群体 12 个种子发芽相关性状遗传变异情况。各性状均存在较大的表型变异,方差分析 *F* 测验表明家系间各性状差异均达极显著水平($P < 0.01$)。NJRISP 群体中发芽势、发芽率、3 d 和 5 d 正常幼苗率 4 个性状的遗传率变幅为 0.70 ~ 0.74,遗传变异系数为 0.26 ~ 0.31,高于相应的相对值指标;根长和芽长的遗传率(0.46,0.52)、遗传变异系数(0.26,0.19)与相对根长、芽长遗传率(0.50,0.56)、遗传变异系数(0.17,0.28)相近。NJRINP 群体表现类似趋势,但相对发芽势和 5 d 芽长相对值遗传率高于绝对值指标。3 d 和 5 d 时正常幼苗率相对值在 2 个群体中的遗传率、遗传变异系数均较小(表 1)。

表 1 NJRISP 和 NJRINP 群体家系间 12 个耐淹相关性状表现
Table 1 Performance of 12 traits of seed tolerance to submergence in NJRISP population

性状 Trait	NJRISP 群体 NJRISP population				NJRINP 群体 NJRINP population			
	平均数 ± 标准差	家系间差异	遗传率	遗传变异系数	平均数 ± 标准差	家系间差异	遗传率	遗传变异系数
	Mean ± S	<i>F</i> value	<i>h</i> ²	<i>GCV</i>	Mean ± S	<i>F</i> value	<i>h</i> ²	<i>GCV</i>
3 d 发芽势 GR-3d	0.57 ± 0.22	9.45 **	0.74	0.29	0.44 ± 0.22	4.57 **	0.54	0.40
3 d 正常幼苗率 NSR-3d	0.56 ± 0.23	9.22 **	0.73	0.31	0.41 ± 0.22	4.69 **	0.55	0.38
5 d 发芽率 GR-5d	0.60 ± 0.23	7.88 **	0.70	0.26	0.49 ± 0.23	4.36 **	0.53	0.34
5 d 正常幼苗率 NSR-5d	0.56 ± 0.23	7.90 **	0.70	0.28	0.45 ± 0.24	4.93 **	0.57	0.39
豆芽根长 RL	6.06 ± 2.29	3.50 **	0.46	0.26	4.99 ± 2.32	4.30 **	0.52	0.35
豆芽芽长 SL	7.66 ± 1.16	4.29 **	0.52	0.19	5.71 ± 1.42	3.04 **	0.40	0.19
3 d 相对发芽势 RGR-3d	0.98 ± 0.31	2.17 **	0.28	0.17	0.90 ± 0.50	7.15 **	0.67	0.43
3 d 相对正常幼苗率 RNSR-3d	0.92 ± 0.28	1.39 **	0.11	0.00	0.99 ± 0.69	2.14 **	0.28	0.02
5 d 相对发芽率 RGR-5d	0.90 ± 0.28	2.48 **	0.33	0.18	0.97 ± 0.45	3.58 **	0.46	0.31
5 d 相对正常幼苗率 RNSR-5d	0.82 ± 0.26	1.51 **	0.15	0.00	1.05 ± 0.71	3.56 **	0.46	0.02
5 d 根长相对值 RRLR-5d	1.17 ± 0.28	4.01 **	0.50	0.17	1.37 ± 0.70	2.50 **	0.33	0.28
5 d 芽长相对值 RSLR-5d	1.09 ± 0.43	4.77 **	0.56	0.28	1.52 ± 0.76	13.93 **	0.81	0.42

GR-3d;Germination rate(%) after 3 d after treatment;NSR-3d;Normal seedling rate(%) after 3 d treatment;GR-5d;Germination rate(%) after 5 d treatment;NSR-5d;Normal seedling rate(%) after 5 d treatment;RL;Root length(cm);SL;Sprout length(cm);RGR-3d;Relative germination rate after 3 d treatment;RNS-3d;Relative normal seedling rate after 3 d treatment;RGR-5d;Relative germination rate after 5 d treatment;RNS-5d;Relative normal seedling rate after 5 d treatment;RRLR5d;Relative root length rate after 5 d treatment;RSLR-5d;Relative sprout length rate after 5 d treatment. GCV;genetic coefficient of variation. The same abbreviations are in the following table.

2.1 两个群体性状间的相关分析

从表 2 可见,在 2 个 RIL 群体中,发芽势和发芽率与其他 8 个种子发芽相关性状间均存在极显著的正相关($P < 0.01$),表明这些性状可作为供试材料耐淹性的候选指标。NJRISP 和 NJRINP 群体的发芽势、发芽率、3 d 和 5 d 正常幼苗率 4 个性状之间的相关系数均在 0.90 以上;发芽率与豆芽根长、芽长的相关系数也较高,NJRISP 群体中分别为 0.718 和

0.725,NJRINP 群体中为 0.622 和 0.516,均高于发芽率与 4 个相对值指标(相对发芽势、3 d 相对正常幼苗率、相对发芽率、5 d 相对正常幼苗率)间的相关系数。两群体相对发芽势、相对发芽率之间相关系数分别为 0.789 和 0.752,但与其他性状间的相关系数均相对较低。综上,确定发芽率、发芽势作为进一步遗传分析的指标。

表 2 NJRISP 和 NJRINP 群体 12 个耐淹相关性状间的简单相关

Table 2 Correlation among 12 traits of seed tolerance to submergence in NJRISP and NJRINP populations

性状 Trait	GR-3d	NSR-3d	GR-5d	NSR-5d	RL	SL	RGR-3d	RGR-5d	RRLR-5	RRSR-5
3 d 发芽势 GR-3d	—	0.965 **	0.941 **	0.909 **	0.569 **	0.494 **	0.438 **	0.257 **	0.275 **	0.162 *
3 d 正常幼苗率 NSR-3d	0.988 **	—	0.929 **	0.929 **	0.627 **	0.556 **	0.428 **	0.245 **	0.320 **	0.198 **
5 d 发芽率 GR-5d	0.966 **	0.949 **	—	0.968 **	0.622 **	0.516 **	0.413 **	0.307 **	0.326 **	0.150 *
5 d 正常幼苗率 NSR-5d	0.964 **	0.965 **	0.974 **	—	0.658 **	0.559 **	0.396 **	0.274 **	0.370 **	0.177 **
豆芽根长 RL	0.726 **	0.741 **	0.718 **	0.739 **	—	0.705 **	0.202 **	0.197 **	0.564 **	0.102
豆芽芽长 SL	0.672 **	0.678 **	0.725 **	0.731 **	0.658 **	—	0.152 *	0.124	0.355 **	0.276 **
3 d 相对发芽势 RGR-3d	0.509 **	0.523 **	0.472 **	0.511 **	0.394 **	0.261 **	—	0.752 **	0.259 **	0.234 **
5 d 相对发芽率 RGR-5d	0.610 **	0.631 **	0.680 **	0.683 **	0.535 **	0.546 **	0.789 **	—	0.258 **	0.206 **
5 d 根长相对值 RRLR-5d	0.279 **	0.288 **	0.253 **	0.265 **	0.533 **	0.180 *	0.335 **	0.321 **	—	0.666 **
5 d 芽长相对值 RRSR-5d	0.445 **	0.435 **	0.472 **	0.469 **	0.431 **	0.678 **	0.296 **	0.407 **	0.495 **	—

上、下三角数据分别为 NJRISP 和 NJRINP 群体;*,** 分别表示在 $P=0.05$ 和 0.01 水平显著相关。

The datapoints under and above the diagonal represent r values of NJRINP and NJRISP populations, respectively; *, ** mean significance at $P=0.05, 0.01$ levels, respectively.

2.3 RIL 群体种子发芽率的遗传分析

根据主基因 + 多基因混合遗传分析软件对 57 个模型计算结果筛选 AIC 值最小的 2 个模型。NJRISP 群体发芽势和发芽率符合 H(4 对主基因)和 I(4 对主基因 + 多基因)模型,其中发芽势最适模型为 H_5(4 对主基因,3 基因等加性模型),发芽率为 H_4(4 对主基因,2 基因等加性模型)。发芽势主基因和多基因的遗传率分别为 0.933 和 0.067,发芽率主基因和多基因的遗传率是 0.990 和 0.01,表明淹水胁迫下 NJRISP 群体家系发芽率主要由主

基因控制。4 对主基因的效应均为负值,表明提高发芽率(耐淹性)等位基因来自野生大豆。而 NJRINP 群体发芽势符合 I_7 模型(主基因加性效应有 2 对相等—多基因加性上位性模型),主基因遗传率达 0.991,5 d 发芽率的最佳模型是 H_4(主基因,3 基因等加性模型),主基因遗传率达 0.990,多基因遗传率为 0.01,4 对主基因的效应为负值,表明 NJRINP 群体家系在淹水胁迫下发芽率也主要由主基因控制,且提高发芽率的等位基因来自野生大豆。

表 3 NJRISP 和 NJRINP 群体发芽势和发芽率最适模型及遗传参数估计值

Table 3 The best genetic models and parameter estimates of seed germination rate in NJRISP and NJRINP populations

指标 Item	NJRISP 群体发芽势		NJRISP 群体发芽率		NJRINP 群体发芽势		NJRINP 群体发芽率	
	GR-3d in NJRISP population		GR-5d in NJRISP population		GR-3d in NJRINP population		GR-5d in NJRINP population	
模型 Model	H_5	I_7	H_4	I_9	I_7	H_4	H_4	I_7
AIC value	2462.50	2792.40	1868.60	1935.40	2805.90	42855.00	2770.20	2787.10
h_{mg}^2	0.933	0.991	0.990	0.989	0.991	0.991	0.990	0.990
h_{pg}^2	0.067	0.009	0.010	0.011	0.004	0.004	0.010	0.010
d_a	-4.636	-9.252	-9.533	-9.212	-9.517	-9.744	-10.600	-11.160
d_b	-4.636	-9.252	-9.533	-9.212	-9.517	-9.744	-10.600	-11.160
d_c	-4.636	-2.543	-2.753	-9.212	-2.570	-2.625	-2.703	-2.790
d_d	-7.278	-2.543	-2.753	2.029	-2.570	-2.625	-2.703	-2.790
[d]	—	-0.728	—	2.457	4.314	—	—	7.160

h_{mg}^2 :主基因遗传率估计值; h_{ph}^2 :多基因遗传率估计值; d_a, d_b, d_c, d_d :4 对主基因对应的加性效率;[d]:多基因加性效应。

h_{mg}^2 :Major gene heritability; h_{ph}^2 :Polygene heritability; d_a, d_b, d_c, d_d :Additive effects of the four maijor gene, respectively; [d]: Additive effects of polygene.

3 讨 论

3.1 大豆不同时期耐涝性鉴定方法和指标的筛选

耐涝性可分为耐湿性和耐淹性,不同生长时期

耐逆性机制可能不同,因此鉴定方法和指标也不尽相同^[12,17-18]。目前对大豆苗期和生殖生长期耐涝性鉴定主要是在盆栽或大田环境中人工创造涝害条件下进行,包括植株完全或部分被淹没,淹水处理

时间差异很大^[2,4]。因此,还需创造易于控制环境因素的标准化试验平台进行表型鉴定试验。大豆发芽期耐淹试验所需条件简单,鉴定方法和技术较成熟,一般均采用完全淹水处理,本研究采用一次性塑料杯加 50 mL 蒸馏水进行淹水处理,可避免培养皿水层过浅使部分种子露出水面。淹水时间采用 72 h,介于前人的 48~96 h,这可能与试验材料不同有关。

目前所用的耐涝性鉴定指标既包括形态特性,也包括生理生化代谢指标,除单个性状的指标,也采用综合指标,隶属函数法也常用于耐逆鉴定^[2]。种子耐淹性鉴定指标包括发芽率、发芽指数、正常苗率、相对发芽率、相对正常苗率等^[7,9]。本研究分析了供试群体 12 个种子发芽相关性状的相关性,发现相对发芽势、相对发芽率与其他性状间的相关系数相对较低,其可能原因是淹水处理后大豆种子发芽所经历时间比对照长 3 d,处理和对照之间并非处于相同的发育时间点,直接计算其相对比值可能难以反映耐逆性差异。最终确定发芽率和发芽势作为遗传分析的指标,前人研究也发现发芽率可较好地反映大豆种质间的遗传差异^[7]。

3.2 大豆种子耐淹性的遗传机制

耐涝性是植物体对淹水渍涝导致的缺氧等逆境的综合反应结果,不同生长时期耐逆性机制可能不同,遗传基础较复杂。目前通过连锁定位已检测到 20 多个控制大豆不同生长时期耐涝性的 QTL,也发现一些效应较大的 QTL^[4,19]。数量性状主基因+多基因分离分析方法可揭示目标性状的遗传规律,了解主基因和多基因的相对作用^[14]。孙慧敏等^[13]利用重组自交系研究发现栽培大豆苗期耐淹性受 2~3 对主基因控制,并定位到 2 个稳定表现的 QTL。Sayama 等^[9]以相对发芽率、相对正常幼苗率等多个指标检测到栽培大豆种子耐淹亲本 Peking 中 4 个 QTL *Sf1*~*Sf4*。本研究表明,淹水条件下 2 个群体大豆发芽势和发芽率遗传符合 4 对主基因模型(H 或 I 模型),遗传率达 93% 以上,多基因效应均较低,表明种子耐淹性由少数主效基因控制。本研究中耐逆等位基因来自野生大豆,2 个栽培大豆亲本南农 86-4 和南农 493-1 之间的耐性也存在一定差异,可能是多基因或等位基因效应差异所致。可通过 QTL 定位及候选基因分析进一步研究野生大豆耐涝性遗传基础。

3.3 野生大豆优异基因的发掘与育种利用

大量研究表明一年生野生大豆具有的高产、优质、抗病虫、耐逆等方面的目标性状具有很大的育种利用价值,在野生大豆遗传多样性、优质资源评

价与鉴定、种质创新与育种等方面取得很大进展^[20-21]。已从野生大豆资源中获得一批高蛋白质、蛋白亚基缺失、抗病、耐逆等优异基因资源,通过 QTL 定位已发掘多个来自野生大豆具有增产、增加蛋白质含量和抗病性的等位变异^[22-24]。由于长期受严酷的自然选择,使得一些野生大豆对逆境具有较强的适应能力。目前在耐旱、耐盐碱、耐阴等性状上均发掘出优异野生资源,并定位了耐盐碱的主效 QTL^[25-27]。本研究所用的野生大豆亲本 PI342618B 表现出极强的耐涝性,其幼苗经约 140 h 水淹后,绝大部分植株都能存活^[8]。利用野生大豆选育小粒特用(纳豆和豆芽用)大豆品种已取得很大进展。董英山^[20]归纳指出野生大豆在大豆常规育种中有 3 个方面的应用价值:可以为栽培大豆提供有用性状或基因源;可以拓宽大豆遗传背景;可以使野生和栽培大豆种间杂交基因重组,创造新的基因。其中利用野生大豆丰富的遗传多样性,发掘其中蕴含的优异基因资源是研究的主要内容。利用与野生大豆有利基因紧密连锁的分子标记进行辅助育种,也可进一步提高育种效率。

4 结 论

种子淹水处理条件下,NJRISP 和 NJRINP 群体家系间发芽率存在显著差异,遗传变异大。发芽势、发芽率及豆芽根长、芽长 4 个性状遗传率高,且各性状之间呈现高度正相关,可作为耐逆性鉴定指标。大豆发芽势和发芽率遗传符合 4 对主基因模型(H 或 I 模型),遗传率达 93% 以上,多基因效应均较低,耐逆等位基因来自野生大豆。

参考文献

- [1] 赵可夫,王韶唐.作物抗性生理[M].北京:农业出版社,1990. (Zhao K F, Wang S T. Crop physiology of resistance to stresses [M]. Beijing: Agricultural Press, 1990.)
- [2] 陈文杰,汤复跃,梁江,等.大豆耐涝研究进展[J].南方农业学报,2012,43(2):191-195. (Chen W J, Tang F Y, Liang J, et al. Research progress on waterlogging tolerance in soybean[J]. Journal of Southern Agriculture, 2012, 43(2): 191-195.)
- [3] Wuebker E F, Mullen R E, Koehler K. Flooding and temperature effects on soybean germination [J]. Crop Science, 2001, 41: 1857-1861.
- [4] Kokubun M. Genetic and cultural improvement of soybean for waterlogged conditions in Asia [J]. Field Crops Research, 2013, <http://dx.doi.org/10.1016/j.fcr.2012.09.022>.
- [5] Tian X H, Nakamura T, Kokubun M. The role of seed structure and oxygen responsiveness in pre-germination flooding tolerance of soybean cultivars [J]. Plant Production Science, 2005, 8: 157-165.
- [6] Hou F F, Thseng F S. Studies on the flooding tolerance of soybean

- seed; varietal differences[J]. *Euphytica*, 1991, 57: 169-173.
- [7] 王芳, 赵团结, 盖钧镒. 大豆野生与栽培资源苗期耐淹性的鉴定、生态区特征和优异种质发掘[J]. *大豆科学*, 2007, 26(6): 828-834. (Wang F, Zhao T J, Gai J Y. Evaluation, eco-region characterization and elite germplasm identification of submergence tolerance at seedling stage wild and cultivated soybeans[J]. *Soybean Science*, 2007, 26(6): 828-834.)
- [8] Hou F F, Thseng F S, Wu S T, et al. Varietal differences and diallel analysis of pre-germination flooding tolerance in soybean [*Glycine max*] seed[J]. *Bulletin of the Research Institute for Bioresources-Okayama University*, 1995, 3(1): 35-41.
- [9] Sayama T, Nakazaki T, Ishikawa G, et al. QTL analysis of seed-flooding tolerance in soybean (*Glycine max* [L.] Merr.) [J]. *Plant Science*, 2009, 176: 514-521.
- [10] Boru G, van Ginkel M, Kronstad W E, et al. Expression and inheritance of tolerance to waterlogging stress in wheat[J]. *Euphytica*, 2001, 117: 91-98.
- [11] Xu K, Mackill D J. A major locus for submergence tolerance mapped on rice chromosome 9[J]. *Molecular Breeding*, 1996, 2: 219-224.
- [12] Zhou M X. Improvement of plant waterlogging tolerance [M]// Mancuso S, Shabala S. Waterlogging signalling and tolerance in plants. Springer-Verlag, Berlin Heidelberg, 2010: 267-285.
- [13] 孙慧敏, 赵团结, 盖钧镒. 大豆苗期耐淹性的遗传与 QTL 分析[J]. *作物学报*, 2010, 36(4): 590-595. (Sun H M, Zhao T J, Gai J Y. Inheritance and QTL mapping of waterlogging tolerance at seedling stage of soybean[J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2010, 36(4): 590-595.)
- [14] 盖钧镒, 章元明, 王建康. 植物数量性状遗传体系[M]. 北京: 科学出版社, 2003. (Gai J Y, Zhang Y M, Wang J K. Genetic system of quantitative traits in plants [M]. Beijing: Science Press, 2003.)
- [15] 盖钧镒. 试验统计方法[M]. 北京: 中国农业出版社, 2000: 108-128. (Gai J Y. Methods of experimental statistics [M]. Beijing: China Agricultural Press, 2000: 108-128.)
- [16] 王金社, 李海旺, 赵团结, 等. 重组自交家系群体 4 对主基因加多基因混合遗传模型分离分析方法的建立[J]. *作物学报*, 2010, 36(2): 191-201. (Wang J S, Li H W, Zhao T J, et al. Establishment of segregation analysis of mixed inheritance model with four major genes plus polygenes in recombinant inbred lines population[J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2010, 36(2): 191-201.)
- [17] 张国荣, 余立云, 毛美新. 大麦湿害的研究进展[J]. *大麦科学*, 2000(4): 7-9. (Zhang G R, Yu L Y, Mao M X. Advances in waterlogging tolerance research in barley[J]. *Barley Science*, 2000(4): 7-9.)
- [18] 周广生, 朱旭彤. 湿害后小麦生理变化与品种耐湿性的关系[J]. *中国农业科学*, 2002, 35(7): 777-783. (Zhou G S, Zhu X T. Changes of physiological characters of wheat after waterlogging and relations between physiological characters and waterlogging tolerance of different varieties[J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2002, 35(7): 777-783.)
- [19] Githiri S M, Watanabe S, Harada K, et al. QTL analysis of flooding tolerance in soybean at an early vegetative growth stage[J]. *Plant Breeding*, 2006, 125(6): 613-618.
- [20] 董英山. 中国野生大豆研究进展[J]. *吉林农业大学学报*, 2008, 30(4): 394-400. (Dong Y S. Advances of research on wild soybean in China [J]. *Journal of Jilin Agricultural University*, 2008, 30(4): 394-400.)
- [21] 程春明, 王瑞珍, 赵现伟, 等. 野生大豆研究利用进展及建议[J]. *江西农业学报*, 2011, 23(4): 22-26. (Cheng C M, Wang R Z, Zhao X W, et al. Research advances and suggestions on application of wild soybean[J]. *Acta Agriculturae Jiangxi*, 2011, 23(4): 22-26.)
- [22] Wang D, Graef G L, Procopiuk A M, et al. Identification of putative QTL that underlie yield in interspecific soybean backcross populations[J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2004, 108: 458-467.
- [23] 阚贵珍, 童振峰, 胡振宾, 等. 野生大豆荚粒相关性状 QTL 定位[J]. *大豆科学*, 2012, 31(3): 333-340. (Kan G Z, Tong Z F, Hu Z B, et al. Mapping QTLs for yield related traits in wild soybean (*Glycine soja* Sieb. and Zucc.) [J]. *Soybean Science*, 2012, 31(3): 333-340.)
- [24] Sebolt A M, Shoemaker R C, Diers B W. Analysis of a quantitative trait locus allele from wild soybean that increases seed protein concentration in soybean[J]. *Crop Science*, 2000, 40: 1438-1444.
- [25] Kim M, Hyten D L, Niblack T L, et al. Stacking resistance alleles from wild and domestic soybean sources improves soybean cyst nematode resistance[J]. *Crop Science*, 2011, 51: 934-943.
- [26] Hamwieh A, Xu D H. Conserved salt tolerance quantitative trait locus (QTL) in wild and cultivated soybeans[J]. *Breeding Science*, 2008, 58: 355-359.
- [27] Tuyen D D, Lal S K, Xu D H. Identification of a major QTL allele from wild soybean (*Glycine soja* Sieb. & Zucc.) for increasing alkaline salt tolerance in soybean[J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2010, 121: 229-236.