

DOI: 10.3724/SP.J.1006.2010.00590

## 大豆苗期耐淹性的遗传与 QTL 分析

孙慧敏 赵团结\* 盖钧镒\*

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:** 洪涝灾害是大豆生产的主要逆境之一, 培育耐涝品种是抗灾保收的重要措施。大豆耐涝性育种方案的设计必须以耐涝性遗传为前提。以苏 88-M21(淹水不敏感)×新沂小黑豆(淹水敏感)衍生的 175 个重组自交系(NJRISX)为材料, 在盆栽 V2 期土壤表层保持 5~7 cm 水深 20 d 的淹水条件下, 研究大豆苗期耐淹性的遗传和 QTL 定位。通过对 8 个耐淹性有关性状的相关分析和主成份分析, 确定以处理前后株高变化量、处理终叶龄和成熟期株高 3 个性状的平均耐淹指数为评价指标。NJRISX 家系间耐淹性差异极显著, 存在超亲分离。主基因+多基因分离分析表明该群体的耐淹性为 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%。WinQTL Cart2.5 复合区间及多区间 QTL 定位分析均检测到 2 个 QTL, 位于连锁群 L2 上的 Satt229~Satt527 和 Satt527~Sat\_286 区间, 对表型的解释率分别为 11.76%~25.20%和 10.10%~12.34%。大豆 NJRISX 群体苗期耐淹性遗传分离分析与 QTL 定位结果相对一致。

**关键词:** 大豆; 耐淹性; RIL 群体; 分离分析; QTL 定位

## Inheritance and QTL Mapping of Waterlogging Tolerance at Seedling Stage of Soybean

SUN Hui-Min, ZHAO Tuan-Jie\*, and GAI Jun-Yi\*

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

**Abstract:** Flooding is a serious problem for soybean production in eastern and southern China. Development of cultivars with tolerance to waterlogging is one of the effective ways to cope with the stress problem. For which, the genetic knowledge of waterlogging tolerance is of essential importance. The present study was aimed at revealing the inheritance and mapping the QTLs for waterlogging tolerance of soybean at seedling stage. The materials used were 175 recombinant inbred lines (RILs) derived from the cross Su88-M21 (tolerant) × Xinyixiaoheidou (highly sensitive), designated as NJRISX. A pot experiment was held under 5–7 cm waterlogging stress for 20 days at V2 stage. Based on the correlation and principal component analysis of eight traits, we calculated the joint waterlogging tolerance index from the average of individual tolerance index of plant height increment, number of leaves at the end of waterlogging and plant height at maturity to evaluate the tolerances of the materials. There existed obvious transgressive segregation and significant differences among the RIL lines. The segregation analysis under major gene plus polygene mixed inheritance model showed that waterlogging tolerance of soybean was controlled by two linked major genes plus polygenes with major gene heritability of 62.83% and polygene heritability of 8.90%. By using composite interval mapping (CIM) and multiple interval mapping (MIM) of WinQTL Cartographer Version 2.5, two QTLs conferring waterlogging tolerance were mapped in the marker regions of Satt229–Satt527 and Satt527–Sat\_286 on linkage groups L2, explaining 11.76%–25.20% and 10.10%–12.34% of the total phenotypic variation, respectively. Accordingly, the results from segregation analysis and QTL mapping are relatively consistent in NJRISX population.

**Keywords:** Soybean; Waterlogging tolerance; Recombinant inbred line (RIL); Segregation analysis; QTL mapping

我国长江中下游及南方地区, 近年来洪涝灾害发生频繁, 严重影响作物安全生产。大豆从萌发、营养生长到产量形成均会受到涝害影响, 导致减产

甚至绝收。选育耐涝大豆品种十分必要。由于不同涝害时期(苗期、成株期、结实期)和不同涝害程度(渍水、部分淹水到全淹)下品种耐涝性有差异, 耐涝问

本研究由国家重点基础研究计划(973 计划)项目(2006CB101708, 2009CB118404, 2010CB125906), 国家高技术研究发展计划(863 计划)项目(2006AA100104), 国家自然科学基金项目(30671314, 30671266)和教育部高等学校创新引智计划项目(B08025)资助。

\* 通讯作者(Corresponding authors): 赵团结; 盖钧镒, Tel: 025-84395405, E-mail: sri@njau.edu.cn

第一作者联系方式: E-mail: sunhuimin81@163.com

Received(收稿日期): 2009-11-23; Accepted(接受日期): 2010-02-08.

题的研究较为复杂,研究者所针对的时期和采用的方法也就不同。Reyna 等<sup>[1]</sup>和 Cornelious 等<sup>[2]</sup>以失绿率和死亡率评价 R2 期大豆耐涝性。王芳等<sup>[3]</sup>以相对死苗率为指标评价大豆苗期对完全淹水胁迫的耐性。Githiri 等<sup>[4]</sup>以处理小区占对照小区产量的百分比为耐涝指数评价了大豆对苗期涝害的反应。还有的研究以渍水环境中茎秆增粗、不定根发生及生长能力等为指标评价大豆耐涝性。由于大豆耐湿、耐淹机制的复杂性,单个形态指标有局限性,需综合分析形态、生理生化、遗传等方面的变化才能更好研究大豆对湿涝耐性的机制。

以往研究表明花生、水稻和小麦等作物的耐涝性是由少数基因控制的数量性状<sup>[5-7]</sup>。VanToai 等<sup>[8]</sup>利用 2 个重组自交群体、3 个试验环境 2 年结果定位到一个大豆耐涝 QTL,获得与其连锁的 SSR 标记 Sat\_064。Cornelious 等<sup>[2]</sup>对 2 个群体采用单标记分析法找到和耐涝相关的 5 个标记。Githiri 等<sup>[4]</sup>用 CIM 方法对 2 年结果分析,同时定位到 1 个位点 *ftl*。王芳等<sup>[9]</sup>研究大豆苗期耐淹性由 3 对等加性主基因控制,并用 CIM 和 MIM 方法检测到 3 个耐淹性位点,分别位于连锁群 A1、D1a 和 G 上。上述研究利用不同群体和 QTL 定位方法均检测到与耐涝性、耐淹性相关的 QTL。但逆境条件、材料遗传背景和试验环境不同,检测的结果也不同,大豆耐涝性遗传体系的研究有待加强。本研究利用重组自交群体进行大豆苗期耐淹性遗传分析,检测和耐淹性有关的 QTL,发掘优异基因和载体材料,以期为大豆耐涝育种奠定遗传学基础。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料

供试材料为耐淹大豆品种苏 88-M21、淹水敏感品种新沂小黑豆和苏 88-M21×新沂小黑豆衍生的 175 个重组自交系群体(NJRISX)。

### 1.2 试验设计

2007 年在预备试验改进条件控制水平的基础上于南京农业大学江浦试验站温室内进行正规试验。6 月 26 日播种。采用盆栽双套盆法,对大豆植株进行部分淹水处理。盆钵规格为内盆直径 25 cm×高 28 cm (盆底有排水孔),外盆(塑料桶)直径 30 cm×高 25 cm。供试土壤为小麦试验田的耕层土,含全氮 0.82 g kg<sup>-1</sup>、碱解氮 85.65 mg kg<sup>-1</sup>、速效磷 13.04 mg kg<sup>-1</sup>、速效钾 149.00 mg kg<sup>-1</sup>、有机质 6.1 g kg<sup>-1</sup>,pH 7.6。

土壤粉碎后,每盆装土 2.5 kg。裂区设计,主区为水分处理(淹水胁迫与适宜水分的对照),副区为供试材料,每副区一盆,每盆留苗 6 株,2 次重复。在 V2 期(即第 1 片复叶展开)进行处理,保持盆中土壤表面上有 5~7 cm 水层、植株部分浸在水中。处理时间为 7 月 9~29 日,处理结束时植株叶片数约为 5~8 片(V5~V8)。排水后撤掉外盆,使对照和处理植株处于自然环境中生长至成熟。

### 1.3 淹水处理和对照耐淹性相关性状的测定与分析

淹水处理前调查记录对照和处理区供试材料的株高、叶绿素含量、叶龄。淹水处理结束后第 1 天,测量株高和第 1 片功能叶的叶绿素含量(使用 Opti-Logic, CCM-200 叶绿素仪),淹水处理 1 周后,记录叶龄,第 1 片复叶完全展开时叶龄为 1,第 2 片复叶完全展开时叶龄为 2,依次类推,计算每个品种的平均叶龄。淹水处理完毕,使其自然生长,记录每个家系初花(R1)、盛花(R2)、始荚(R3)、鼓荚 50%、始熟(R7)和盛熟日期(R8)。成熟期测定对照和处理的株高,收获后测定百粒重。

计算每个家系淹水胁迫和对照材料的株高变化量( $\alpha_1$ )、叶绿素变化量( $\alpha_2$ )、处理终叶龄( $\alpha_3$ )、R1 到 R2 天数( $\alpha_4$ )、R3 到鼓荚 50%天数( $\alpha_5$ )、R7 到 R8 天数( $\alpha_6$ )、成熟期株高( $\alpha_7$ )和百粒重( $\alpha_8$ )的平均值,并分别计算每个家系各性状单项耐淹指数(相对值)。单项指标耐淹指数  $\alpha(\%) = (\text{处理区测定值}/\text{对照区测定值}) \times 100\%$ 。

鉴于大豆的耐淹性比较复杂,利用多个性状的耐淹指数综合评价家系的耐淹性。

### 1.4 统计分析

利用 Microsoft Excel 2007 进行描述性统计分析并检验家系间遗传差异显著性。采用 SAS 9.0 并参考《试验统计方法》<sup>[10]</sup>进行方差分析和相关分析。应用盖钧镒等<sup>[11]</sup>提出的基于主基因+多基因混合遗传模型的分离分析方法对亲本及家系数据进行遗传分析。

### 1.5 大豆耐淹性的 QTL 定位

NJRISX 重组自交系群体的遗传图谱引自张红梅等<sup>[12]</sup>,该图谱包括 24 个连锁群,有 131 个 SSR 标记,覆盖 2 044.6 cM,平均图距为 15.6 cM。结合室内分子标记和耐淹性鉴定数据,利用 Windows QTL Cartographer Version 2.5 程序<sup>[13]</sup>,采用复合区间作图法(CIM)和多区间作图法(MIM)进行 QTL 定位。设

定 QTL 存在的 LOD 阈值为 2.0。为了更精确地检出显著 QTL, 对每个性状分别进行 1 000 次排列测验(permutation test)<sup>[14-15]</sup>, 以确定其 LOD 阈值。QTL 的置信区间为 LOD 峰值减 1 时的曲线区间。

2 结果与分析

2.1 供试 RIL 群体受淹胁迫的表现及耐涝性指标的确定

部分淹水胁迫后, 植株生长滞后, 株高明显降低, 叶片数明显少于对照; 整株叶片发黄, 叶边缘卷曲或叶边枯死, 处于水中的叶有不同程度的腐烂; 水中茎基部有不同程度的木栓化, 水层中有不定根生成。处理结束一周后植株才能恢复生长, 约 1 个月后植株叶色转为正常; 初花至盛花期的时间明显长于对照, 且盛花期持续时间短; 豆荚易落, 鼓荚需时较长, 成熟期延迟, 单粒荚、秕荚较多, 百粒重下降。

试验结果表明淹水处理的株高、叶龄和成熟期株高均比对照低, 其他性状指标值有增有减。所有材料的各单项指标变化幅度不同, 因而用不同单项指标耐淹指数来评价大豆耐淹性, 其结果波动较大,

有片面性。相关分析表明株高变化量( $\alpha_1$ )与处理终叶龄( $\alpha_3$ )、成熟期株高( $\alpha_7$ )、百粒重( $\alpha_8$ ), 以及处理终叶龄( $\alpha_3$ )与 R1 到 R2 天数( $\alpha_4$ )之间相关达到显著或极显著外, 其他指标间不存在显著相关。

主成分分析表明前 3 个主成分的贡献率分别为 0.527、0.219 和 0.131, 累积贡献率达 87.70% (表 1)。决定第一主成分大小的耐淹指数为株高变化量( $\alpha_1$ )、处理终叶龄( $\alpha_3$ )和成熟期株高( $\alpha_7$ ); 决定第二主成分大小的主要为 R7 到 R8 天数( $\alpha_5$ ), 第三主成分为综合因子。

综合相关和主成分分析结果, 确定以株高变化量( $\alpha_1$ )、处理终叶龄( $\alpha_3$ )和熟期株高( $\alpha_7$ ) 3 个性状的耐淹指数作为本研究的评价指标。因各性状对耐淹性评价的比重相当, 故采用这 3 个性状的平均耐淹指数(以下称综合耐淹指数)评价家系耐淹性, 进行遗传分析和 QTL 定位研究。

2.2 RIL 群体耐淹性表现和遗传分析

从表 2 可见, 耐淹亲本苏 88-M21(P<sub>1</sub>)的综合耐淹指数值高于新沂小黑豆(P<sub>2</sub>), RIL 家系综合耐淹指数值呈单峰态分布, 变幅较大, 有明显超亲分离。表 3 结果表明亲本间、家系间差异均达到极显著水平

表 1 8 个耐淹指标的主成分分析结果  
Table 1 Principal components analysis of the eight indicators

| 主成分<br>Principal component | 单个指标 Single indicator |            |            |            |            |            |            |            | 特征值<br>Eigen value | 贡献率<br>Contribution (%) | 累积贡献率<br>Accum. contribution (%) |
|----------------------------|-----------------------|------------|------------|------------|------------|------------|------------|------------|--------------------|-------------------------|----------------------------------|
|                            | $\alpha_1$            | $\alpha_2$ | $\alpha_3$ | $\alpha_4$ | $\alpha_5$ | $\alpha_6$ | $\alpha_7$ | $\alpha_8$ |                    |                         |                                  |
| C1                         | 0.432                 | -0.328     | 0.453      | 0.319      | -0.319     | -0.145     | 0.424      | -0.312     | 4.214              | 52.67                   | 52.67                            |
| C2                         | 0.166                 | -0.372     | -0.057     | -0.463     | -0.254     | 0.598      | 0.240      | 0.371      | 1.753              | 21.91                   | 74.58                            |
| C3                         | 0.299                 | 0.422      | 0.297      | 0.307      | 0.503      | 0.350      | 0.228      | 0.350      | 1.049              | 13.12                   | 87.70                            |

表 2 大豆 NJRISX RIL 群体综合耐淹指数的次数分布  
Table 2 Frequency distribution of joint waterlogging tolerance index of NJRISX RIL population

| 世代<br>Generation | 组限 Class limit (%) |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     | $\Sigma f$ | 幅变<br>Range | 均值<br>Mean | 遗传变异系数<br>GCV (%) |
|------------------|--------------------|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|------------|-------------|------------|-------------------|
|                  | <47                | 47- | 50- | 53- | 56- | 59- | 63- | 66- | 69- | 72- | 75- | 79- | 82- | >85 |            |             |            |                   |
| P <sub>1</sub>   |                    |     |     |     |     |     |     |     |     |     | 1   |     |     |     | 1          |             | 75.9       |                   |
| P <sub>2</sub>   |                    |     |     |     | 1   |     |     |     |     |     |     |     |     |     | 1          |             | 58.9       |                   |
| RIL              | 0                  | 8   | 14  | 18  | 19  | 18  | 28  | 20  | 23  | 8   | 8   | 5   | 5   | 1   | 175        | 49.6-88.1   | 63.9       | 9.63              |

表 3 大豆 NJRISX 群体综合耐淹指数的方差分析  
Table 3 ANOVA of joint waterlogging tolerance index of NJRISX RIL population

| 变异来源 Source of variation | df  | SS       | MS      | F       | P>F     |
|--------------------------|-----|----------|---------|---------|---------|
| 重复 Replication           | 1   | 4433.82  | 4433.82 | 49.45** | <0.0001 |
| 家系 Line                  | 174 | 28769.94 | 165.34  | 1.84**  | <0.0001 |
| 误差 Error                 | 174 | 15600.75 | 89.66   |         |         |
| 总变异 Total                | 349 | 48804.51 |         |         |         |

\*\*表示差异极显著(P<0.01)。 \*\* Stands for significant at the 0.01 level.

( $P < 0.01$ ), 说明家系耐淹性存在极显著遗传差异, 可用于进一步遗传分析和 QTL 定位。

根据 AIC 值, 从分离分析方法所得到的全部可能的遗传模型中选出最优的 2 个模型(表 4), 分别为 E-2-8 (2 对重叠作用的连锁主基因+多基因混合模型)、E-2-9 (2 对抑制作用的连锁主基因+多基因混合模型)。根据最适模型各个成分分布的均值和权重, 用最小二乘法估计各性状的遗传参数, 两个模型所获遗传参数估计值极为相似, 主基因和多基因遗传率分别约为 62.83% 和 8.90%, 一并列于表 4。

### 2.3 大豆耐淹性的 QTL 定位

用 CIM 法检测到 2 个 QTL ( $wt-1$  和  $wt-2$ ), 均位于 L2 连锁群上(表 5 和图 1)。 $wt-1$  位点位于 SSR 标记 Satt229~Satt527 区间, 分别距 2 个标记 26.0 cM 和 1.3 cM, 可以解释 11.76% 的表型变异;  $wt-2$  位点

位于 Satt527~Sat\_286 之间, 分别距 2 个标记 2.0 cM 和 28.9 cM, 可以解释 12.34% 的表型变异。根据加性效应的方向,  $wt-1$  和  $wt-2$  的加性效应为负值, 表明这 2 个位点的基因效应来源于新沂小黑豆。

利用 MIM 方法检测到 3 个 QTL (表 5 和图 1), 其中有 2 个位点与 CIM 法检测到 2 个位点在相同标记区间, 而且置信区间相应重叠。3 个位点  $wt-1$ 、 $wt-2$  和  $wt-3$  均位于连锁群 L2 上,  $wt-1$  对表型变异的解释率为 25.2%,  $wt-2$  对表型变异的解释率为 10.1%, 其加性效应均为负值, 表明这 2 个位点的基因效应来源于新沂小黑豆。 $wt-3$  位于标记 Satt513~Satt229 区间, 分别距 2 个标记 6.1 cM 和 8.2 cM, 对表型变异的解释率为 1.3%, 其加性效应的方向为正值, 表明这个位点的基因来源于苏 88-M21。鉴于  $wt-3$  只有 MIM 检测到, 且贡献率甚低, 是否确实存在, 有待

表 4 大豆耐淹性遗传入选模型的相关参数  
Table 4 Parameters of candidate genetic models for waterlogging tolerance in soybean

| 模型                     | 适合性检验参数        |              |                 |                 |              |                   |                   | Parameter of test for goodness of fit |
|------------------------|----------------|--------------|-----------------|-----------------|--------------|-------------------|-------------------|---------------------------------------|
| Model                  | 世代 Generation  | AIC          | $U_1^2$         | $U_2^2$         | $U_3^2$      | $nW^2$            | $Dn$              |                                       |
| E-2-8                  | P <sub>1</sub> | 1290.90      | 0.025(0.87)     | 0.398(0.53)     | 3.667(0.06)  | 0.107( $P>0.05$ ) | 0.460( $P>0.05$ ) |                                       |
|                        | P <sub>2</sub> |              | 0.161(0.69)     | 0.064(0.80)     | 0.289(0.59)  | 0.057( $P>0.05$ ) | 0.362( $P>0.05$ ) |                                       |
|                        | RIL            |              | 0.051(0.82)     | 0.091(0.76)     | 0.107(0.74)  | 0.048( $P>0.05$ ) | 0.039( $P<0.05$ ) |                                       |
| E-2-9                  | P <sub>1</sub> | 1291.50      | 0.079(0.79)     | 0.029(0.86)     | 3.132(0.08)  | 0.104( $P>0.05$ ) | 0.474( $P>0.05$ ) |                                       |
|                        | P <sub>2</sub> |              | 0.477(0.49)     | 0.584(0.44)     | 0.146(0.70)  | 0.085( $P>0.05$ ) | 0.433( $P>0.05$ ) |                                       |
|                        | RIL            |              | 0.005(0.94)     | 0.000(0.98)     | 0.128(0.72)  | 0.048( $P>0.05$ ) | 0.047( $P>0.05$ ) |                                       |
| 遗传参数 Genetic parameter |                |              |                 |                 |              |                   |                   |                                       |
|                        | $m$            | $\sigma^2_p$ | $\sigma^2_{mg}$ | $\sigma^2_{pg}$ | $\sigma^2_c$ | $h^2_{mg}(\%)$    | $h^2_{pg}(\%)$    | $i$                                   |
| E-2-8                  | 31.94          | 165.34       | 103.89          | 14.68           | 46.77        | 62.83             | 8.88              | 31.94                                 |
| E-2-9                  | 31.94          | 165.34       | 103.89          | 14.76           | 46.69        | 62.83             | 8.93              | -31.94                                |

各遗传参数的符号与参考文献[11]相同。The symbols of genetic parameters are the same as in reference [11].

表 5 大豆耐淹性的 CIM 法和 MIM 法 QTL 定位结果  
Table 5 QTL mapping of soybean waterlogging tolerance by using CIM and MIM methods

| QTL                                     | 连锁群<br>LG | 标记区间<br>Marker interval | 距离-1 <sup>a</sup><br>Dis.-1 <sup>a</sup> | 距离-2 <sup>a</sup><br>Dis.-2 <sup>a</sup> | 置信区间 <sup>b</sup><br>Confidence <sup>b</sup> | 位置 <sup>c</sup><br>Location <sup>c</sup> | LOD<br>Score | 加性效应<br>Additive<br>effect | 贡献值<br>$R^2(\%)$ |
|---|-----------|-------------------------|--|--|--|--|--------------|----------------------------|------------------|
| 复合区间作图 Composite interval mapping (CIM) |           |                         |  |  |  |  |              |                            |                  |
| $wt-1$                                  | L2        | <b>Satt229–Satt527</b>  | 26.0                                     | 1.3                                      | 28.7–42.4                                    | 40.3                                     | 3.1          | -3.18                      | 11.76            |
| $wt-2$                                  | L2        | <b>Satt527–Sat_286</b>  | 2.0                                      | 28.9                                     | 42.4–57.5                                    | 43.6                                     | 3.1          | -3.24                      | 12.34            |
| 多区间作图 Multiple interval mapping (MIM)   |           |                         |  |  |  |  |              |                            |                  |
| $wt-1$                                  | L2        | <b>Satt229–Satt527</b>  | 20.2                                     | 7.1                                      | 25.6–41.7                                    | 34.5                                     | 4.6          | -4.82                      | 25.20            |
| $wt-2$                                  | L2        | <b>Satt527–Sat_286</b>  | 4.0                                      | 26.9                                     | 41.7–55.6                                    | 45.6                                     | 4.1          | -3.12                      | 10.10            |
| $wt-3$                                  | L2        | Satt513–Satt229         | 6.1                                      | 8.2                                      | 0.8–14.4                                     | 6.1                                      | 2.1          | 1.93                       | 1.30             |

<sup>a</sup> 距离-1 和距离-2 分别指 QTL 位点与标记区间左侧和右侧标记的距离(cM); <sup>b</sup> 表示置信区间边界点与连锁群顶端距离(cM); <sup>c</sup> 表示 QTL 位点与连锁群顶端距离(cM)。粗体为 CIM 和 MIM 均检测到的 QTL。

LG: linkage group. <sup>a</sup> Dis.-1 and Dis.-2 mean the distance from QTL to the left and right markers, respectively; <sup>b</sup> the distance from the top marker to the confidence interval; <sup>c</sup> the distance from the top marker to the QTL locus. The QTL in bold case is detected by both CIM and MIM.

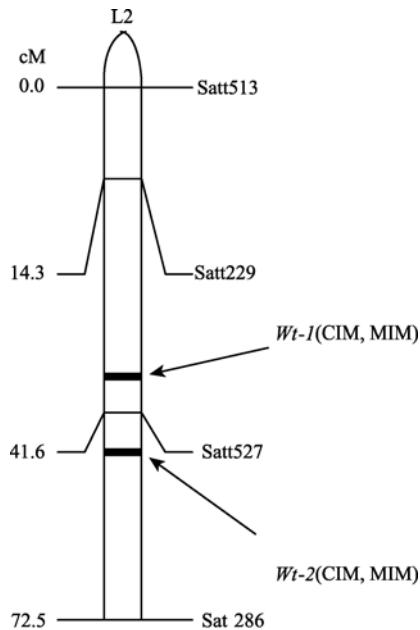


图1 大豆耐淹性 QTL 在连锁群 L2 上的位置  
Fig. 1 The detected QTLs on linkage group L2

进一步验证。

以上用 CIM 和 MIM 两种方法共同检测到与耐淹性相关位点 *wt-1* 和 *wt-2*，虽然靠近，但分别位于 L2 连锁群上相邻的不同区间，Satt229~Satt527 和 Satt527~Sat\_286，表明这 2 个位点是连锁的。联系分离分析的结果，也发现 2 个连锁的主基因。定位结果和分离分析结果一致，表明大豆幼苗期耐淹性确是受少数主基因+多基因控制的数量性状。

### 3 讨论

有关大豆耐淹性基因和 QTL 定位的报道相对较少，不同研究者的结果也有所不同。VanToai 等<sup>[8]</sup>以产量为指标定位到一个耐涝 QTL (与 Satt\_064 紧密连锁)，但 Reyna 等<sup>[1]</sup>发现不同地理环境和遗传背景下，Sat\_064 与耐涝性无显著相关。Cornelius 等<sup>[2]</sup>利用 Reyna 试验中两个群体又检测到和耐涝性显著相关的 5 个 QTL，其中 Satt599 位于连锁群 A1 上，Satt160、Satt269 和 Satt252 位于连锁群 F 上，Satt485 位于连锁群 N 上。Githiri 等<sup>[4]</sup>定位到 1 个位点和苗期耐涝性相关的 *ft1*，王芳等<sup>[9]</sup>检测到 3 个和大豆苗期完全淹水耐性相关的 QTL，分别位于连锁群 A1、D1a 和 G 上。不同的研究结果说明大豆耐涝性遗传较复杂。本研究以综合耐淹指数为指标，应用 CIM 和 MIM 方法共同定位到 2 个苗期耐涝 QTL (*wt-1* 和 *wt-2*)，遗传分析结果也表明大豆苗期耐淹性遗传受

2 对连锁主基因控制，二者相互印证。所检测到的 2 个耐淹 QTL，与上述不同遗传背景和试验环境中检测到的结果不同，这可能与试验材料、试验环境和试验鉴定方法有关。

耐淹性的概念较宽，其鉴定受环境条件影响较大。本研究所用指标虽为苗期，但指标的组成包括了处理后的生长因素，如成熟期株高，处理后续影响覆盖的时间长。利用大豆不同生长阶段性状的指标综合评价苗期耐淹性，减少了因淹害滞后效应而引起的单个指标评价的偏差，拓宽了苗期耐淹性指标的研究范围，所以得到了较为稳定的结果。鉴于耐淹因素和生育时期差异的复杂性，有必要进一步拓展不同生育时期的耐淹性研究，探讨全淹和部分淹水胁迫下的遗传差异；并从拓宽试验材料、发展鉴定方法、多环境试验和多种遗传分析方法着手，全面地了解大豆耐涝遗传机理。

### 4 结论

从 8 个耐淹有关性状中确定以处理前后株高变化量、处理终叶龄和成熟期株高 3 个性状的平均耐淹指数为耐淹性综合评价指标，研究发现苏 88-M21 (耐)×新沂小黑豆(不耐)衍生的重组自交系耐淹性存在超亲分离；耐淹性为 2 对连锁主基因+多基因遗传，主基因遗传率 62.83%，多基因的遗传率 8.90%；WinQTLCart2.5 复合区间及多区间作图均检测到位于连锁群 L2 上 Satt229~Satt527 和 Satt527~Sat\_286 相邻区间的 2 个 QTL，分别解释该群体 11.76%~25.20%和 10.10%~12.34%的表型变异。大豆 NJRISX 群体苗期耐淹性遗传分离分析与 QTL 定位结果相对一致。

### References

- [1] Reyna N, Cornelious B, Shannon J G, Sneller C H. Evaluation of a QTL for waterlogging tolerance in southern soybean germplasm. *Crop Sci*, 2003, 43: 2077-2082
- [2] Cornelious B, Chen P, Chen Y, Leon N de, Shannon J G, Wang D. Identification of QTLs underlying water-logging tolerance in soybean. *Mol Breed*, 2005, 16: 103-112
- [3] Wang F(王芳), Zhao T-J(赵团结), Gai J-Y(盖钧镒). Evaluation, eco-region characterization and elite germplasm identification of submergence tolerance at seeding stage in wild and cultivated soybeans. *Soybean Sci* (大豆科学), 2007, 26(6): 828-834 (in Chinese with English abstract)
- [4] Githiri S M, Watanabe S, Harada K, Takahashi R. QTL analysis of flooding tolerance in soybean at an early vegetative growth stage. *Plant Breed*, 2006, 125: 613-618
- [5] Li L(李林), Zou D-S(邹冬生), Liu D-W(刘登望), Liu F(刘飞),

- Zhang W-H(张武汉), Sun Y-T(孙玉桃), Yang G-L(杨光立). Research progress on waterlogging in peanut and other crops. *Chin J Oil Crop Sci* (中国油料作物学报), 2004, 26(3): 105–110 (in Chinese with English abstract)
- [6] Boru G, Ginkel M V, Kronstad W E, Boersma L. Expression and inheritance of tolerance to waterlogging stress in wheat. *Euphytica*, 2001, 117: 91–98
- [7] Setter T L, Ellis M, Lourance E V, Ella E S, Senadhira S B M, Sarkarung S, Datta S. Physiology and genetics of submergence tolerance of rice. *Ann Bot*, 1997, 79(suppl): 61–71
- [8] VanToai T T, Martin S S K, Chase K, Boru G, Schnipke V, Schmitthenner A F, Lark K G. Identification of a QTL associated with tolerance of soybean to soil waterlogging. *Crop Sci*, 2001, 41: 1247–1252
- [9] Wang F(王芳), Zhao T-J(赵团结), Yu D-Y(喻德跃), Chen S-Y(陈受宜), Gai J-Y(盖钧铭). Inheritance and QTL analysis of submergence tolerance at seedling stage in soybean [*Glycine max* (L.) Merr.]. *Acta Agron Sin* (作物学报), 2008, 34(5): 748–753 (in Chinese with English abstract)
- [10] Gai J-Y(盖钧铭). Methods of Experimental Statistics (试验统计方法). Beijing: China Agriculture Press, 2000 (in Chinese)
- [11] Gai J-Y(盖钧铭), Zhang Y-M(章元明), Wang J-K(王健康). Genetic System of Quantitative Traits in Plants (植物数量性状遗传体系). Beijing: Science Press, 2003 (in Chinese)
- [12] Zhang H-M(张红梅), Zhou B(周斌), Zhao T-J(赵团结), Xing H(邢邯), Chen S-Y(陈受宜), Gai J-Y(盖钧铭). QTL mapping of tofu and soymilk output in RIL population NJRISX of soybean. *Acta Agron Sin* (作物学报), 2008, 34(1): 67–75 (in Chinese with English abstract)
- [13] Wang S C, Basten C J, Zeng Z B. Windows QTL Cartographer Version 2.5, Department of Statistics, North Carolina State University, Raleigh, NC, 2001–2006
- [14] Churchill G A, Doerge R W. Empirical threshold values for quantitative trait mapping. *Genetics*, 1994, 138: 963–971
- [15] Doerge R W, Churchill G A. Permutation tests for multiple loci affecting a quantitative character. *Genetics*, 1996, 142: 285–294