

# 大豆矮化突变体 z110 的生理及产量性状分析

周玉雪<sup>1</sup>, 张金昊<sup>1</sup>, 张秀彤<sup>1,2</sup>, 景思豪<sup>1</sup>, 李景文<sup>1</sup>, 闫帆<sup>1</sup>, 王庆钰<sup>1</sup>, 王英<sup>1\*</sup>

(1. 吉林大学植物科学学院, 长春 130062; 2. 吕梁市农业农村局, 山西 吕梁 033000)

**摘要:** 株高是大豆最重要的株型性状之一。本研究以大豆株高突变体 z110 及其野生型吉大豆 5 号为材料, 分析了突变体株型变化以及产量潜力。结果表明, 与野生型相比, 突变显著降低了叶片的叶绿素含量、叶片含氮量, 对光合速率无显著影响; 突变显著降低了株高、平均节间长度、平均叶柄长度, 显著增加了节数、分枝数, 且第 4 节后叶柄长度随着节数的增加而逐渐缩短; 突变使百粒重显著降低, 而使单株产量、单株粒数、单株荚数等性状显著增加, 表现出一定的增产潜力。

**关键词:** 大豆; 株型; 株高; 突变体

中图分类号: S565.1

文献标识码: A

文章编号: 2096-5877(2019)06-0020-04

## Phenotypic and Physiological Analysis of a Dwarf Mutant z110 of Soybean (*Glycine max*(L.) Merr.)

ZHOU Yuxue<sup>1</sup>, ZHANG Jinhao<sup>1</sup>, ZHANG Xiutong<sup>1,2</sup>, JING Sihao<sup>1</sup>, LI Jingwen<sup>1</sup>, YAN Fan<sup>1</sup>, WANG Qingyu<sup>1</sup>, WANG Ying<sup>1\*</sup>

(1. College of Plant Science, Jilin University, Changchun 130062; 2. Lvliang Agricultural and Rural Bureau, Lvliang 033000, China)

**Abstract:** Plant height is one of the most important plant architecture traits in soybean. In this study, dwarf mutant z110 and its wild type, named Jidadou 5, were used as materials to analyze the traits changes and yield potential of mutant. The results showed that the chlorophyll content and leaf nitrogen content of the mutation significantly reduced, but photosynthetic rate was no significant affected. The plant height, the average inter-node length, the average petiole length of the mutation significantly reduced, but the node number of main stem, branch number significantly increased. After the fourth node, the length of the petiole gradually shortened with the increasing of the number of node. The 100-seed weight of the mutation significantly decreased. The yield per plant, seed number of per plant, pod number of per plant increased significantly, which showed that z110 had a certain potential for increased yield.

**Key words:** Soybean; Plant architecture; Plant height; Mutant

矮化是植物最重要的农艺性状之一。第一次绿色革命即以小麦、水稻等禾谷类作物的半矮秆品种应用为技术核心, 辅以农药和农业机械, 大幅度提高了谷类作物产量, 缓解了亚洲很多发展中国家粮食自给问题<sup>[1]</sup>。大豆的株高不仅被证实与产量性状呈显著正相关<sup>[2]</sup>, 而且与品质性状也

存在显著正相关关系<sup>[3]</sup>。Cooper 教授等通过选育大豆矮秆品种, 并配以密植栽培模式, 创造了美国当时的高产记录<sup>[4]</sup>。该模式引入我国并改良后, 成为“窄行密植高产栽培技术”, 提高大豆产量 20% 以上<sup>[5]</sup>, 该类技术的核心内容之一即是株高在 40 ~ 60 cm 矮秆品种的应用。

传统育种中, 往往通过两种方式进行矮秆品种(系)的创制。一种是通过品种(系)间杂交, 基因重组后出现矮秆表型, 如 T263、MS2060<sup>[6]</sup>、合农 91<sup>[7]</sup>、吉密豆 2 号<sup>[8]</sup>等; 另一种是通过物理或化学等方式诱变创制, 如利用秋水仙素诱变<sup>[9]</sup>、快中子<sup>[10-11]</sup>、EMS<sup>[12-15]</sup>等。利用突变体已锚定了 2 个影响大豆株高的基因<sup>[11-12]</sup>。但大豆株高属于数量性状, 由多基因控制, 现有遗传研究结果尚不能全

投稿时间: 2019-06-21

基金项目: 国家重点研发计划(2017YFD0101304); 吉林省科技厅重点项目(20180201030NY); 吉林省大豆产业技术体系(20180101)

作者简介: 周玉雪(1994-), 女, 在读硕士, 主要从事大豆分子育种研究。

通讯作者: 王英, 女, 博士, 副教授, E-mail: wangying2009@jlu.edu.cn

面解析大豆株高形成的分子机制。本研究分析了由EMS诱变获得的大豆矮秆突变体 z110 的株型、产量、生理等性状,评估了该突变体在大豆高产育种研究中的可利用性,以期为研究大豆株高的遗传发育研究及大豆株型育种提供特异种质资源。

## 1 材料与方 法

### 1.1 供试材料

大豆品种(系)吉大豆 5 号及 z110。z110 为 EMS 诱变吉大豆 5 号自交 5 代后获得的矮秆突变体(图 1)。



图 1 野生型吉大豆 5 号和突变体 z110 的表型

### 1.2 供试材料种植与性状调查

供试材料于 2018 年 5 月 6 日种植于吉林大学植物科学学院农业教学科研实验实习基地,每个材料 1 行,行长 5 m,行距 65 cm,第一片三出复叶期定苗 40 株,株距 12.5 cm,邻近种植株高相近的突变体材料,田间管理同大田。分别选取吉大豆 5 号及 z110 生长状态相对一致的植株各 20 株,于不同发育时期调查农艺性状及测定生理指标。

#### 1.2.1 生理指标测定

于盛花期调查植株上部、中部、下部代表节位的含氮量、光合速率、叶绿素含量。代表节位三出复叶的 3 个小叶均测量,重复 3 次,测定时间为上午 9:00~11:00,测量时避开中脉。叶片叶绿素相对含量(SPAD 值)、含氮量性状由便携式叶绿素测定仪(托普仪器有限公司,TYS-4N)测定;光合速率由植物光合作用测定仪(托普仪器有限公司,3051D)测定。

#### 1.2.2 农艺及产量性状调查

于盛花期测量供试材料主茎各节位的叶柄长度及代表节位叶片的叶面积。于完熟期调查供试材料株高、主茎节数、有效分枝数、单株总荚数、单株有效荚数、单株粒数、百粒重、单株粒重等农艺及产量性状。

### 1.3 数据分析

采用 Microsoft Excel 2007 和 SPSS 19.0 软件对数据进行统计分析;利用 Duncan 新复极差法进行多重比较,显著性水平  $\alpha=0.05$ ,极显著性水平  $\alpha=0.01$ ;采用 Graphpad Prism 5 软件进行作图。

## 2 结果与分析

以突变体 z110 与野生型吉大豆 5 号品种为材料,比较了两者在株高、主茎节数、分枝数、叶面积、叶柄长度等株型性状;单株有效荚数、单株总荚数、百粒重、单株粒数、单株粒重等产量性状以及叶片叶绿素含量、含氮量、光合速率等生理指标的差异。

### 2.1 突变体与野生型在叶片生理指标上的差异

于盛花期测定野生型及突变体 z110 植株上、中、下部叶片的光合速率、氮含量、叶绿素含量。结果表明,突变体与野生型的光合速率变化规律为自下而上逐渐升高,两者无显著差异;叶片氮含量除下部叶片无显著差异外,突变体上部及中部叶片的氮含量均显著低于野生型,最大差异发生在植株上部;突变体与野生型相比,上部叶片的叶绿素含量间存在极显著差异,中部叶片间虽有显著差异,但未达到极显著水平,下部叶片间无显著差异(图 2)。

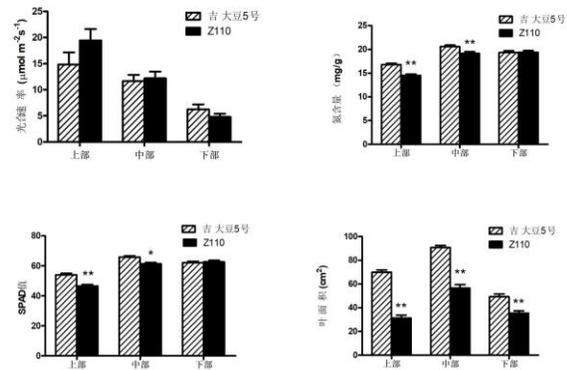


图 2 突变体 z110 与野生型吉大豆 5 号叶片特性比较  
注: \*和\*\*分别代表  $P<0.05$  和  $P<0.01$  显著水平;误差线表示标准误

### 2.2 突变体与野生型在农艺性状上的差异

由表 1 及图 1 可以看出, z110 在株型性状上与野生型存在显著差异。突变引起了株高、节间长度、叶柄长度、叶面积的显著降低,以及有效分枝数、主茎节数等性状的显著增加。从性状的变异幅度来看,突变体在有效分枝数上增加比例最高,其次株高,再次是节数(表 1),分枝主要发生在第 1、2 及第 5 节。

分析z110与吉大豆5号叶柄长度和节间长度的分布规律发现,两者在叶柄长度性状上变化规律相近,从下至上,叶柄长度由短变长后下降,但两者在最大叶柄长度出现的节位略有不同,吉大豆5号出现在7节,而z110出现在4节,而后逐渐下降。突变体与野生型在节间长度性状上变化趋势基本相同,均呈先降后升再降的趋势,但z110的各节位的节间长度较均匀,变幅较小。除最上

部两个节位外,野生型的节间长度均长于突变体,尤其中部节间长度差异较大(图3)。

### 2.3 突变体与野生型在产量性状上的差异

从产量构成因素来看,单株有效荚数、单株总荚数、单株粒数、单株粒重均有显著增加,百粒重性状显著降低。与野生型相比,突变体的百粒重降低了16.74%,但单株粒数增加比例高于野生型,使得突变体的单株产量显著提高(表1)。

表1 突变体z110和野生型吉大豆5号的表型分析

性状	平均数±标准差		比野生型增减值	比野生型增减%
	突变体z110	野生型吉大豆5号		
株高(cm)	69.80±4.48**	88.39±3.43	-18.59	21.03
主茎节数	17.85±1.14**	15.78±0.95	2.07	13.12
分枝数	3.20±1.11**	0.09±0.29	3.11	3456.00
平均节间长度(cm)	3.51±0.22**	5.30±0.32	1.79	33.77
平均叶柄长度(cm)	15.02±2.26**	24.71±1.09	-9.69	39.22
单株有效荚数	84.35±25.78**	44.39±5.91	39.96	90.02
单株总荚数	95.00±24.4**	46.48±5.88	48.52	104.39
单株粒数	208.53±58.03**	115.48±16.34	93.05	80.58
百粒重(g)	17.06±2.00**	20.49±1.24	-3.43	16.74
单株粒重(g)	36.00±10.13**	22.73±6.02	13.27	58.38

注:\*\*代表 $P<0.01$ 显著水平

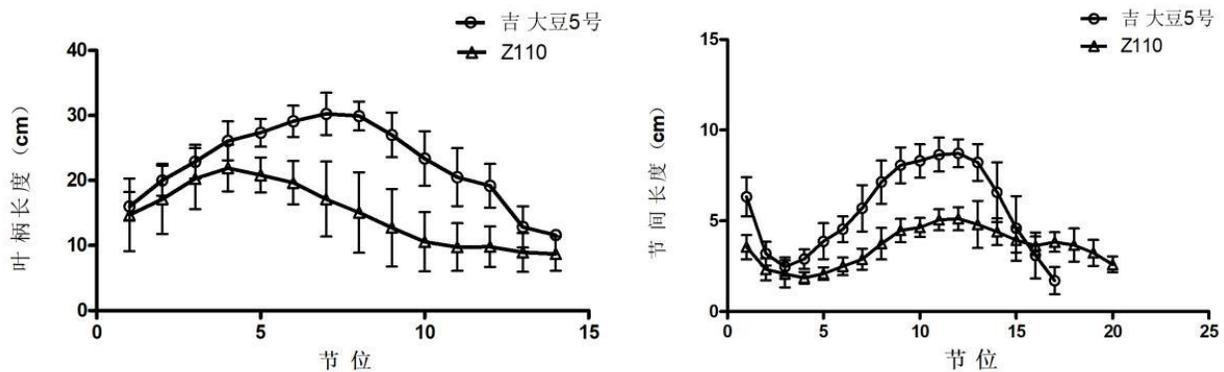


图3 突变体z110与野生型吉大豆5号不同节位的叶柄长度和节间长度的比较

注:叶柄长度于盛花期测定,节间长度于成熟期测定

## 3 讨论

株高是大豆最重要的株型性状之一,直接影响产量。在我国超高产大豆品种中,中黄13、新大豆1号、MN413、JN96-2343等均为半矮秆品种,株高在70~77 cm之间,产量可达 $5.96 \text{ t/hm}^{2[16]}$ 。而且降低株高,还可减少倒伏<sup>[4]</sup>,进而提高产量。因此,植株矮化性状的改良一直是大豆科研重点关注内容之一<sup>[17-23]</sup>。本研究创制的矮秆突变体源于我国北方春

中早熟组大豆品种吉大豆5号,该品种综合性状优良,2013年品种审定时平均油分含量达24.2%。以其为材料,利用EMS方法,创制了大豆突变体库,z110为突变之一,目前为5代,纯合稳定,且在株型上发生显著变化。突变体的株高、节间长度降低,节数、分枝数显著增加,主要分枝均在第6节位以下,不易倒伏。同时,突变体的叶柄长度显著短于野生型,且自下而上,叶柄长度先增加后缩短,中上部的叶片因节位缩短而显紧凑,叶柄与茎荚角小,且从下

部第4节往上,突变体的叶柄长度逐渐缩短,形成层次。该类株型减少了叶片的相互遮蔽,提高了光能利用率,有利于产量的积累。因此,z110突变体可作为大豆高产育种的特异种质资源。

#### 参考文献:

- [ 1 ] Khush G S. Green revolution: the way forward[J]. *Nature Reviews Genetics*, 2001, 2(10): 815-822.
- [ 2 ] Palomeque L, Jun L, Li W, et al. QTL in mega-environments: II. Agronomic trait QTL co-localized with seed yield QTL detected in a population derived from a cross of high-yielding adapted high-yielding exotic soybean lines[J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2009, 119: 429-436.
- [ 3 ] 仲 义,鄂成林,孙发明,等.大豆农艺性状和品质性状间相关性分析[J]. *吉林农业科学*, 2012, 37(2): 1-3.
- [ 4 ] Cooper R L, Mendiola T, St-Martin S K, et al. Registration of 'Apex' soybean[J]. *Crop Science*, 2003, 43(4): 1563.
- [ 5 ] 刘忠堂.大豆窄行密植高产栽培技术的研究[J]. *大豆科学*, 2002, 21(2): 117-122.
- [ 6 ] Werner B K, Wilcox J R, Housley T L. Inheritance of an ethyl methanesulfonate-induced dwarf in soybean and analysis of leaf cell size [J]. *Crop Science*, 1987, 27(4): 665-668.
- [ 7 ] 郭 泰,郭美玲,冯宪忠,等.矮秆耐密植大豆新品种合农91选育与高产创建[J]. *大豆科学*, 2019, 38(4): 664-667.
- [ 8 ] 孙星邈,朱延钧,王 博,等.矮秆高油大豆新品种吉密豆2号的选育与技术要点[J]. *大豆科技*, 2015(6): 41-43.
- [ 9 ] Porter K B, Weiss M G. The effect of polyploidy on soybeans[J]. *Journal of the American Society of Agronomy*, 1948, 40: 710-724.
- [ 10 ] Cheng W, Gao J, Shao Q, et al. Characterization of dwarf mutants and molecular mapping of a dwarf locus in soybean[J]. *Journal Integrative Agriculture*, 2016, 15(10): 2228-2236.
- [ 11 ] Hwang W J, Kim M Y, Kang Y J, et al. Genome-wide analysis of mutations in a dwarf soybean mutant induced by fast neutron bombardment[J]. *Euphytica*, 2015, 203(2): 399-408.
- [ 12 ] Li Z, Guo Y, Ou Lin, et al. Identification of the dwarf gene Gm-DW1 in soybean (*Glycine max* L.) by combining mapping by sequencing and linkage analysis[J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2018, 131(5): 1001-1016.
- [ 13 ] Li Z, Jiang L, Ma Y, et al. Development and utilization of a new chemically-induced soybean library with a high mutation density [J]. *Journal of Integrative Plant Biology*, 2017, 59(1): 60-74.
- [ 14 ] 孟永杰,陈 锋,帅海威,等.大豆EMS突变体库构建及其M<sub>1</sub>代重要农艺性状评价[J]. *大豆科学*, 2016, 35(1): 64-69.
- [ 15 ] 李 葳,朱保葛,徐民新,等.矮秆和半矮秆大豆突变体植株生长对外源GA<sub>3</sub>的响应[J]. *作物学报*, 2008, 34(7): 1240-1246.
- [ 16 ] 杜维广,盖钧镒.大豆超高产育种研究进展的讨论[J]. *土壤与作物*, 2014, 3(3): 81-92.
- [ 17 ] 陈恒鹤.大豆矮秆基因遗传及其育种改良效果的研究[J]. *作物学报*, 1985, 11(2): 89-102.
- [ 18 ] 那桂秋,董 钻.大豆若干株型性状与产量的关系[J]. *辽宁农业科学*, 1993(5): 13-15.
- [ 19 ] Ueguchi-Tanaka M, Nakajima M, Katoh E, et al. Molecular Interactions of a Soluble Gibberellin Receptor, GID1, with a Rice DELLA Protein, SLR1, and Gibberellin[J]. *Plant Cell*, 2007, 19(7): 2140-2155.
- [ 20 ] Zhang Y, Li W, Lin Y, et al. Construction of a high-density genetic map and mapping of QTLs for soybean (*Glycine max*) agronomic and seed quality traits by specific length amplified fragment sequencing[J]. *BMC Genomics*, 2018, 19: 641, <https://doi.org/10.1186/s12864-018-5035-9>.
- [ 21 ] Zhou Z, Jiang Y, Wang Z, et al. Resequencing 302 wild and cultivated accessions identifies genes related to domestication and improvement in soybean[J]. *Nature Biotechnology*, 2015, 33(4): 408-414.
- [ 22 ] Yao D, Liu Z Z, Zhang J, et al. Analysis of quantitative trait loci for main plant traits in soybean[J]. *Genetics Molecular Research*, 2015, 14(2): 6101-6109.
- [ 23 ] Zhang J, Song Q, Cregan P B, et al. Genome-wide association study for flowering time, maturity dates and plant height in early maturing soybean (*Glycine max*) germplasm[J]. *BMC Genomics*, 2015, 16: 217 <http://doi10.1186/s12864-015-1441-4>.