

播种期和某些质量遗传基因对 大豆籽粒斑驳形成的影响*

孙志强

(吉林省农业科学院大豆研究所)

J. E. Spetch George Graef

[美国内布拉斯加州立大学(林肯)农学系]

摘 要

以25份克拉克和6份哈罗索近等基因系为试材,研究了播种时期,成熟期,结荚习性,抑制褐斑形成,抗病毒病及某些控制种皮颜色基因对大豆籽粒斑驳形成的影响。采用完全随机区组裂区设计。研究结果表明,播种时期对大豆的成熟期,大豆花叶病毒病及籽粒斑驳的严重度具有很大的影响。随着播期的推迟,从苗期到成熟所需要的日数明显减少,病毒病、斑驳粒率(PMS)和斑驳指数(MI)明显减轻。基因替换效应分析表明,tE1,E2,E3,Im和Rsv1对减轻籽粒斑驳症状具有显著的效应。当上述基因被其隐性等位基因替换时,斑驳粒率和斑驳指数分别减少32.1%和0.205,8.8%和0.043,6.3%和0.031,27.1%和0.212,25.3%和0.156。TE1,i-k和iR对加重籽粒斑驳的形成具有显著的效应,当这几个基因或基因组合被tel,i-i和Ir所替换时斑驳粒率和斑驳指数分别降低13.8%和0.126,28.7%和0.449,6.43%和0.115。虽然R和Dtl对大豆花叶病毒病症状表现有较大的影响,但是对籽粒斑驳的形成影响不大。

关键词 播期;质量遗传基因;籽粒斑驳;基因替换效应;斑驳粒率;斑驳指数

最初,大豆(*G. max* (L.) Merr.)的籽粒斑驳被描述为在大豆的绿色或黄色种皮上形成不规则的褐色或黑色的色素沉积或条纹(15)。斑驳的颜色是由那些控制种皮颜色的基

* 本文于1991年6月3日收到。

This paper was received on June 3, 1991.

因所决定的^[14]。遗传和环境因素均可影响该形状的表达^[1,4,8,10,15]。据 Ross 报导,当用大豆花叶病毒和豆荚斑驳病毒接种大豆植株时,籽粒斑驳粒率明显增大^[10]。一般认为,病毒感染是大豆籽粒斑驳形成的主要原因。据 Cooper 报导^[4]播种时期对大豆斑驳形成有很大的影响,较晚播期的病毒病症状和斑驳均较重。不同基因型对斑驳形成敏感程度极不相同,据报导 Merrit, Hawkeye 和 Blackhawk 携带有一个部分到完全显性基因 Im,该基因对籽粒斑驳形成表现免疫。目前,育种家已通过回交的方法将该基因转移到商品大豆的遗传背景中来,培育出了带有 Im 基因的 Clark, Harosoy 和 Williams 近等基因系,以便于实验研究。大豆籽粒斑驳在部分大豆产区非常严重,直接影响大豆的商品品质。在中国北方大豆育种家们正试图将 Im 和抗大豆花叶病毒的基因引入中国的推广品种,以降低斑驳粒率,提高籽粒品质。

在本实验中,我们用带有不同质量遗传基因的 Harosoy 和 Clark 近等基因系为实验材料,在相近的遗传背景下,研究了播期,及控制熟期,斑驳免疫,抗花叶病毒基因和其他几个质量遗传基因对大豆籽粒斑驳形成的影响。

材 料 和 方 法

实验材料选用带有不同结荚习性(Dt1 dt1, Dt2 dt2), 熟期(tE1 Te1, E2 e2 和 E3 e3), 斑驳免疫(Im im), 抗大豆花叶病毒(Rsv1 rsv1)及几个控制子粒种皮颜色基因或基因组合的 25 个 Clark 和 6 个 Harosoy 近等基因系, 基因型和来源见表 1。这些近等基因系是由依利诺斯大学的 R. L. Bernard 培育的。每个等位系都是从回交后代(通常是 BC5)或两个已育成等位系的杂交后代中选育出来的, 遗传背景基本相同。

实验于 1990 年夏天在美国内布拉斯加州立大学(林肯)东校园的实验农场进行。田间试验采用 4 次重复完全随机区组裂区设计, 播种时期为主区处理, 基因型为副区处理。试验地的土壤类型为冲积粉沙壤土。实验采用 100cm 间距的穴形区, 于 5 月 1 日, 5 月 29 日和 6 月 18 日分三个播期播种。当前一个播期的材料长到 V₂ 期时, 播种下一个播期。生长期间没有喷洒任何杀虫剂, 以利于昆虫自由传播病毒。实验地点的大豆花叶病毒症状重于正常年份。

8 月 7 日调查记载了大豆花叶病毒的感病级别, 方法是根据每个小区植株的病毒病症状分为 5 级, 1 级为完全没有症状, 5 级为极重。成熟期是将一个小区的 95% 以上荚呈现成熟色作为标准。记载从出苗到成熟的天数。成熟时用小区康拜因按小区分别收获并脱粒。从每个小区取 2 个 100 粒种子的样本, 调查斑驳粒率和斑驳指数。其方法是先根据种子的斑驳程度将种子分为 5 级, 其中 1 级为无驳斑驳, 5 级为 40% 以上种皮改变固有的颜色。记载各级别的种子数, 然后根据下列公式计算斑驳粒率(PMS)和斑驳指数(MI):

$$\text{斑驳粒率(PMS)\%} = 2 - 4 \text{ 级斑驳种子数} / \text{调查种子总数} \times 100\%$$

$$\text{斑驳指数(MI)} = \sum NiRi / (5N) \quad (i = 1, 2, \dots, 5)$$

公式中的 N = N₁ + N₂ + ... + N₅ 是调查的种子总数; N_i 是各斑驳级别的种数; R_i 是斑驳级别。

表1 Clark和Harosoy近等基因系

Table 1 Clark and Harosoy isolines

品系名称 Line number	基因型 Genotypes #	系谱 Parentage+	品系名称 Line number	基因型 Genotypes #	系谱 Parentage+
L65-3366	C-tE1	C(6)×T175	L78-434	C-Rsv1*	L61-5448(6)×PI96.983
L74-441	C-tE1e3	L64-2404×L65-3366	L65-1914	C-r*	L61-5448×L64-2191
L66-432	C-tE1e2	L62-1932×L65-3366	L65-5366	C-lmr*	L64-2244×Hawkeye
L80-5914	C-tE1e2e3	L70-4478×L71-920	L64-2244	C-lr*	L61-5448×L64-2191
Clark-L1	C-Normal	Lincoln(2)×Richland	L69-5338	C-lmr*	L64-2244×Hawkeye
L62-2404	C-e3	C(6)×T241	L78-1495	C-e2*	L61-5448×L63-3117
L62-1932	C-e2	C(6)×T245	L72-1582	C-lme2	L61-5448×(L12×Hawkeye)
L71-920	C-e2e3	L63-3117×L63-2404	L73-760	C-lre2*	L69-4180×(C(6)×T245)
L66-546	C-tE1dt1	L64-1477×L65-3366	L73-753	C-lmlre2*	L64-2244(6)×Hawkeye
L76-865	C-tE1e3dt1	L63-2404×L66-546	Harosoy-L2	H-Normal	Mandarin(2)×A.K.
L66-531	C-tE1e2dt1	L64-1477×L65-3366	L67-2324	H-TE1	H(6)×T217
L80-5879	C-tE1e2e3dt1	L70-4478×L71-920	L62-973	H-dt1	H(6)×T245
L63-3297	C-dt1	C(6)×T141	L71-1116	H-TE1dt1	L67-2324×L67-153
L65-778	C-e3dt1	C(6)×T245	L82-364	H-Dt2	H(6)×T117
L70-4204	C-i-k*	L66-14×Black Eyebrow	L74-59	H-TE1Dt?	L67-2324×L67-1397
L61-5448	C-*	Clark63			

* ,带有 Rps1 rxp 基因组合的基因型。 # ,C-和 H-分别表示 Clark 和 Harosoy 近等基因系。

+ ,括号内的数字是回交次数。

* ,Genotypes with Rps1 rxp. # ,Clark and Harosoy isolines are distinguished by C- and H- , respectively.

+ ,Figure in the parentheses indicate number of backcrosses.

对大豆花叶病毒病级别,斑驳粒率,斑驳指数和成熟期进行了方差分析。区组效应按随机模型,播期和基因型按固定模型进行统计分析。计算了播期间和等位系间的差异,用新复极差法测验了上述差异的显著性($P=0.05$)。根据 Clark 等位系的调查资料估计了 tE1(灰毛、晚熟)-te1(棕毛、早熟),E2(晚熟)-e2(早熟),E3(晚熟)-e3(早熟),Im(无斑驳)-im(斑驳),Rsv1(抗 SMV)-rsv1(感(SMV)),R(黑种皮)-r(褐种皮),Dt1(无限)-dt1(有限),i-k(鞍状脐)-i-i(黑脐)基因或基因组合的替换效应;根据 Harosoy 等位系的调查资料估计了 TE1-te1 基因组合的替换效应。本文中的基因替换效应都表示为前一个(或一对)等位基因代换后一个(或一对)等位基因的效应。用测定等位系间差异的标准误差和计算基因替换效应时所用的等位系对数计算了测验基因替换效应的最小显著差。

结果和讨论

播期对出苗到成熟的日数,大豆花叶病毒病感病级别,斑驳粒率和斑驳指数均有显著

的影响。斑驳粒率和斑驳指数具有显著的播期×基因型互作效应。

一、播种时期的影响

播期对生育日数,病毒病严重程度及籽粒斑驳的形成有很大的影响。所有参试材料的生育日数均随着播期的推迟而大幅度缩短。第二个播期(5月29日)平均比第一个播期(5月1日)缩短18.6天,第三个播期(6月18日)又比第二个播期缩短3.7天(表2)。6月底和9月中旬出现的异常高温对第二播期生育日数缩短有相当大的作用;而第三播期鼓粒期间的低温天气有可能部分抵消了推迟播期使生育日数缩短的效应。

表2 播种时期对熟期和籽粒斑驳形成的影响

Table 2 Effect of planting date to maturity and farm PMS

播 期 Planting dates	病毒病级别 SMV scores	斑驳粒率(%) PMS (%)	斑驳指数 (MI)	生育期(天) Maturity (days)
5月1日 May 1	3.25A*	73.3A*	0.560a*	130.5A*
5月29日 May 29	3.43B	66.3B	0.528a	111.9B
6月18日 June 18	1.61C	57.7C	0.493b	108.2B
LSD 0.05	0.35	4.5	0.035	4.1
LSD 0.01	0.54	6.8	0.052	6.7

*:数字后面的大写字母相同表示在0.01概率水准无显著差异。

#:数字后面的小写字母相同表示在0.05概率水准无显著差异。

大豆花叶病毒病症状,斑驳粒率和斑驳指数均随播期的推迟而显著减小(表2)。第二播期的大豆花叶病毒病感病级别、斑驳粒率和斑驳指数均小于第一播期,而第三播期又显著小于第二播期。由于病毒病感染是大豆斑驳形成的主要原因,可以认为晚播大豆籽粒斑驳减少是由于病毒病感染较轻所致(表2)。Cooper等曾经发现晚播大豆的籽粒斑驳较重^[4],与本研究的结果不一致,这有可能是由于两个试验环境的病毒传播媒介的季节性活动不同所引起的。

二、不同基因或基因组合的效应

熟期基因:以14个带有不同熟期基因组合的Clark近等基因系计算了tE1→Te1,E2→e2,E3→e3的基因替换效应。除了L80—5879(tE1e2e3dt1)的病毒病轻于其它等位系外,所有其余等位系的大豆花叶病毒病症状均无显著差异(表3)。与播期的效应相似,成熟期越晚的等位系籽粒斑驳亦趋于变轻。例如,带有tE1,tE1e3,tE1e2,tE1e2e3,tE1E2E3,e3,e2和e2e3的无限结荚习性等位系的平均生育日数分别为135.0,129.0,124.0,116.5,120.3,113.5,111.8和102.3天;它们的籽粒斑驳指数则分别为0.305,0.371,0.406,0.427,0.535,0.590,0.636和0.530。在不同熟期的有限结荚习性等位系中也可以发现同样的现象(表3)。相关和回归分析表明,斑驳粒率和斑驳指数均与熟期呈显著或极显著负相关(图1),相关系数分别为-0.784**和-0.720**。在本试验中,大豆花叶病毒病症状与生育日数呈微弱的正相关(图1)。上述研究结果说明熟期越早,大豆籽粒的斑驳就越重,这种效应似乎与病毒病症状关系不大。

表3 Clark和Harosoy等位系的熟期、花叶病毒病级别、斑驳粒率和斑驳指数

Table 3 SMV score, percentage of mottled seeds and mottling indices of Clark and Harosoy isolines

品系名称 Line number	基因型 Genotypes	SMV 级别 SMV score	斑驳粒率(%) PMS(%)	斑驳指数 M-index	生育期 Maturity (days)
L65-3366	C-tE1	3.54ab+	30.5k+	0.305l+	135.0a+
L74-441	C-tE1e3	3.92a	44.2ijk	0.371ijk	129.0b
L66-432	C-tE1e2	3.13ab	50.3ghij	0.406ij	124.0cb
L80-5914	C-tE1e2e3	3.71a	57.4efghi	0.427ij	116.5ki
Clark-L1	C-Normal [#]	3.25ab	72.3bcde	0.535efgh	120.3ef
L62-2404	C-e3	3.13ab	76.8bcd	0.590def	113.0jk
L62-1932	C-e2	3.29ab	85.1abc	0.636cd	111.8kl
L71-920	C-e2e3	3.17ab	70.4cdef	0.530efgh	102.3ef
L66-546	C-tE1dt1	2.92ab	34.4jk	0.313l	131.5b
L76-865	CtE1e3dt1	2.23ab	47.0ijk	0.381jk	121.3de
L66-531	C-tE1e2dt1	3.46ab	50.0ghij	0.391jk	118.5fgh
L80-5879	C-tE1e2e3dt1	2.42b	64.9defgh	0.471hl	110.0lmn
L63-3297	C-dt1	3.13ab	79.5bcd	0.602de	119.6ef
L65-778	C-e2dt1	2.83ab	75.5bcd	0.519efg	108.5mn
L70--4204	C-i-k*	3.50ab	100.0a	0.972a	116.9efgh
L61--5448	C-*	3.04ab	71.4bdef	0.529fgh	119.5efg
L78-434	C-Rsv1*	2.53b	46.1ijk	0.373kl	117.3ghl
L65-1914	C-r*	3.96a	66.0defg	0.501gh	121.3de
L65-5366	C-lmr*	2.75b	40.6ijk	0.326kl	115.3ij
L64-2244	C-lr*	3.13ab	83.9abc	0.688bc	120.5ef
L69-5338	C-lmr*	2.92ab	47.9hij	0.416ij	115.5ij
L78-1495	C-e2*	3.50ab	74.9bcd	0.558efg	109.5lmn
L72-1582	C-lme2*	3.33ab	54.8fgjk	0.394ji	108.3mn
L73-760	C-lre2*	2.75b	81.6bcd	0.668bc	110.8klm
L73-753	C-lmrre2*	3.16ab	54.9fghl	0.471hl	108.0no
Harosoy-L2	H-Normal [#]	2.54b	81.7abcd	0.628cd	110.0lmn
L67-2324	H-TE1	2.88ab	85.5abc	0.707b	124.0cd
L62-973	H-dt1	2.50b	66.1defg	0.570defg	105.3o
L71-1116	H-TE1dt1	2.88ab	87.9ab	0.734b	123.7c
L62-364	H-Dt2	2.83ab	71.2bdef	0.577def	105.4o
L74-59	H-TE1Dt2	2.96ab	87.0abc	0.712b	126.2c
	LSD0.05	1.14	17.3	0.070	2.8

*:带有 Rps1 rpx 基因组合的基因型。 #:Clark 和 Harosoy 的基因型分别为 T e1 E2 E3 Dt1 dt2 im i—i rsv1 R 和 t e1 e2 E3 Dt1 dt2。 +,数字后面有相同的字母表示在 0.05 概率水准差异不显著。 *, Genotypes with Rps1 rpx. #,The genotype of Clark and Harosoy are T e1 E2 E3 Dt1 dt2 imi—irsv1 R and e1Dt1 dt2. +,Values followed by same letter are not significantly different at 0.05 probability level.

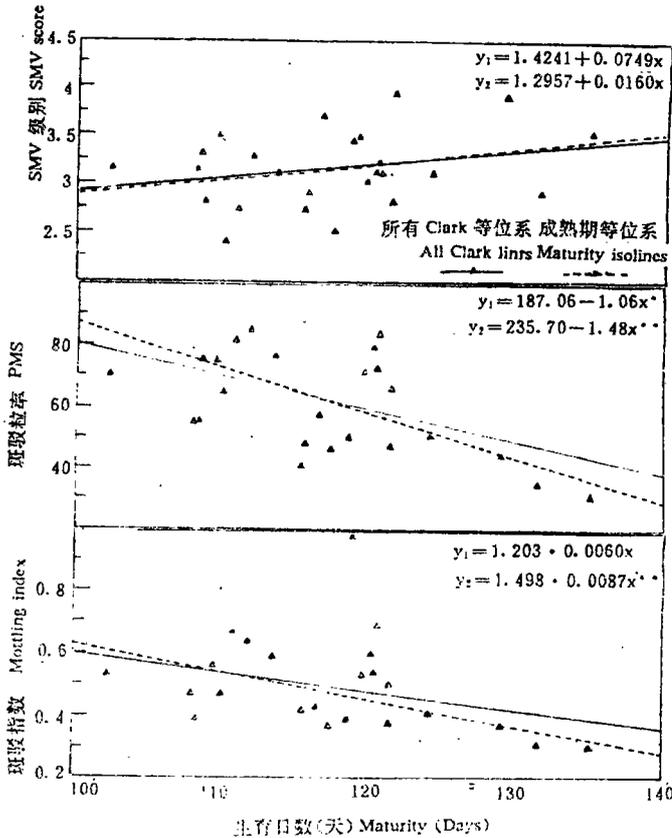
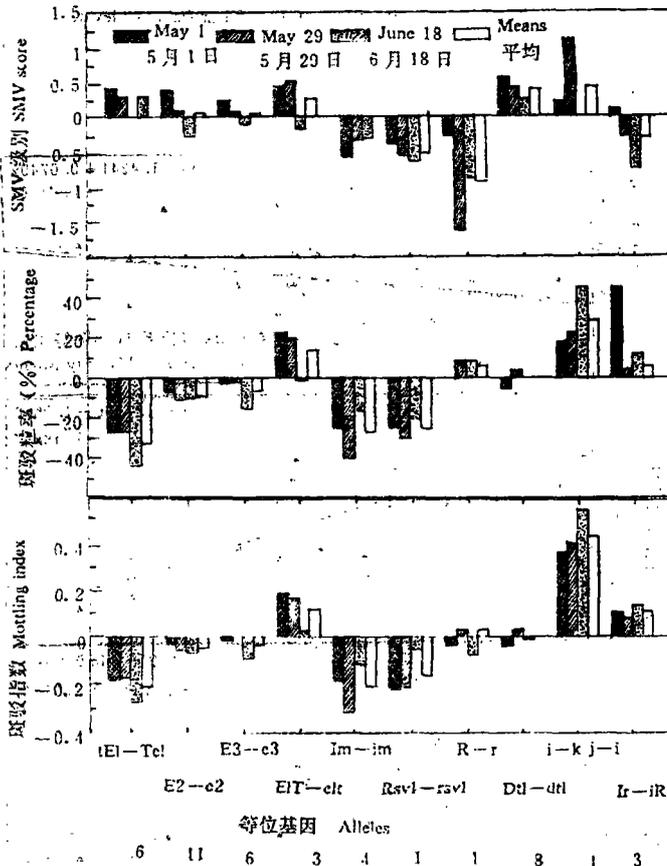


图 1 大豆花叶病毒病级别、斑驳粒率和斑驳指数与成熟期的关系 (y1 和 y2 分别是用所有 Clark 等位系和仅用成熟期等位系进行的回归) * , * * : 分别表示在 0.05 和 0.01 概率水平显著

Fig. 1 The relationships between SMV score, percentage of mottled seeds, mottling index and maturity (y1 and y2 are regressions based on the data of all Clark isolines and maturity isolines, respectively) (*, **, Significant at 0.05 and 0.01 probability level, respectively)

基因替换效应分析表明晚熟基因 tE1, E2, E3 具有明显的减轻籽粒斑驳的效应(图 2)。三个基因中,以 tE1 的效应最大。当 tE1 替换 Te1 时,对病毒病感病级别,斑驳粒率和斑驳指数的平均效应(三个播期)分别是 0.313, -32.1% 和 -0.205, 均达到了 0.05 或 0.01 显著概率水准。E2 对上述三个性状的基因替换效应小于 tE1, 但大于 E3。tE1, E2, E3 在不同的播种时期对大豆籽粒斑驳形成的基因替换效应都是负效应。tE1 在三个播期对大豆花叶病毒的基因替换效应都是正效应, E2 和 E3 对这个性状的基因替换效应在前两

个播期为正值,在第三个播期为负值(图2)。综上所述,晚熟基因减少斑驳形成的效应难以归因于它们对大豆病毒病抗性的影响,而与它们使熟期延迟的效应一致^[2,3,6]。



计算基因替换效应时涉及的等位系数对数

Number of pairs of isolines used to compute the effect

图2 大豆花叶病毒病级别、斑驳粒率和斑驳指数的基因替换(左方替换右方)效应

Fig. 2 Effect for gene substitution for SMV score, percentage of mottled seeds and mottling index

斑驳免疫基因:用4对带有Im或im基因的Clark近等基因系研究了该位点对大豆籽粒斑驳形成的效应。L65-5366(Imr^{*})和L73-760(Ire2^{*})的病毒病症状显著轻于其它等位系。带有Im的4个等位系的花叶病毒病平均感病级别为3.04,带有im基因的4个等位系的平均感病级别为3.33,差异不显著。带有Im基因的等位系平均比相应的带有im基因的等位系早熟1.2~6.0天。其中,有3个带Im基因的等位系显著早于所对应的带有im的等位系(表3)。Im基因在三个播期对斑驳粒率和斑驳指数均有显著的负的基因替换效应,但是,对大豆花叶病毒病症状的效应却不显著(图3),并且带有Im基因的等位系均早于带有im基因的等位系,因此,上述负基因替换效应不能归因于病毒病较轻或熟期较晚。本试验结果还表明,虽然Im基因对减少大豆籽粒斑驳的形成具有很大的效应,但是,它不是一个斑驳免疫基因,在斑驳发生较重的环境条件下(如本试验)带有Im的大豆基

因型也可以形成较多的籽粒斑驳,这与先前的报导不一致^[1]。近年来研究者在公主岭和美国内布拉斯加的林肯种植 Merit 及其它几份带有 Im 基因的材料,也都发现有一定的斑驳粒形成,其原因可能有二:1. Im 只有一个斑驳抑制基因,而不是免疫基因;2. 由于病原的变异,致使 Im 基因的作用变弱,由原来的免疫表现为现在的抑制。我们还无法证实 Im 基因是否具有使熟期提早的多效性,但可以推测这些等位系的早熟性会在一定程度上抵消该基因减少斑驳形成的效应。

抗病毒病基因:L78-434(Rsv1^{*})的病毒病症状轻于 L61-5448(rsv1^{*}),但两者间的差异并不显著(表3)。L78-434 的生育日数平均较 L61-5448 短 2.2 天,但在三个播种日期的斑驳粒率和斑驳指数均显著低于 L61-5448(表3)。当 Rsv1 替换 rsv1 时,斑驳粒率和斑驳粒率指数分别降低 25.4% 和 0.202,说明 Rsv1 确实具有减少籽粒斑驳形成的效应,而且这种效应在不同的播种日期表现稳定,与该基因减轻病毒病严重度的效应相一致(表3,图2)。本试验仅选用了一对带有 Rsv1 的等位系,其结果会有一些的局限性。由于病毒侵染是籽粒斑驳形成的直接原因,可以推测,其它抗病毒病基因也会有类似的效应。因此,选育抗病毒病品种是降低大豆籽粒斑驳粒率的一个有效途径。

其它基因或基因组合:用 6 个 Harosoy 等位系比较了 TE1 和 te1 对大豆籽粒斑驳形成的效应。三个带有 TE1 的等位系平均比相应的带有 te1 的等位系晚熟 14.0~20.8 天。带 te1 的等位系的病毒病症状略轻于那些带 TE1 的等位系,但斑驳粒率和斑驳指数却显著低于带 TE1 的等位系(表3)。带 TE1 的 Harosoy 近等基因系的籽粒斑驳较重可能是由于它们的花叶病毒病偏重。根据本实验中 Clark 和 Harosoy 近等基因系表现的不同尚无法确定 T t 和 E1 e1 两个位点间的互作,因为遗传背景的不同可能会影响基因的表达。

尽管带有 R 基因的等位系大豆花叶病毒病症状较轻,但该基因对籽粒斑驳的形成影响不大(表3,图2)。无限结荚习性等位系的花叶病毒病症状显著重于有限结荚习性等位系,但 Dt1 dt1 位点对籽粒斑驳的形成影响不大(表3,图2)。带有 i-k 等位基因的等位系的籽粒斑驳较重是可以想见的,因为该基因可使脐色物质扩散到周围的种皮中去^[7,9,12,16]。在本试验中,L70-4204(i-k)的斑驳粒率和斑驳指数最大,当 i-k 替换 i-i 时,斑驳粒率和斑驳指数分别增大 28.6% 和 0.449,均达到 0.05 或 0.01 显著概率平准。

带有 Ir 基因组合的等位系的生育日数与带有 iR 的等位系间没有显著差异,病毒病症状略轻,但斑驳粒率和斑驳指数却显著大于带 iR 的等位系。当 Ir 替换 iR 时,斑驳粒率和斑驳指数分别增加 6.4% 和 0.115(表3,图2)。

本试验中所用的等位系是以多次回交(一般 5 次以上)方法选育的,理论上来看,育成等位系的 98% 以上的遗传物质是来自轮回亲本,但等位系间并非一个或几个基因的差异,尚有约 1.5% 的遗传物质可能是不同的。除了研究对象以外,等位系间其它有差异的基因位点可以认为是随机的。因此,可以用这些近等基因系来近似地研究某些基因的效应。另一方面,基因效应的值取决于研究环境,在不同的研究环境中,基因效应的值是不同的。在本试验中,除熟期和斑驳免疫基因外,研究其它基因或基因组合时所用的等位系数较少,其结果也有一定的局限性,今后仍有必要进一步探讨。

参 考 文 献

- [1] Anand, S. C. and J. H. Torrie. 1964. Heritability of frequency and intensity of seed coat mottling and smudginess and interrelationships with other traits of soybeans. *Crop Sci.* 4, 185~186
- [2] Bernard, R. L. 1971. Two major genes for time of flowering and maturity in soybeans. *Crop Sci.* 11, 242~244
- [3] Buzzell, R. I. 1971. Inheritance of a soybean flowering response to fluorescent—daylength conditions. *Can. J. Genet. Cytol.* 13, 703~707
- [4] Cooper, R. L. 1966. A major gene for resistance to seed coat mottling in soybean. *Crop Sci.* 6, 290~292
- [5] Kiihl, R. A. S. and E. E. Hartwig, 1979. Inheritance of reaction to soybean mosaic virus in soybeans. *Crop Sci.* 19, 372~375
- [6] Kilen, T. C. and E. E. Hartwig. 1971. Inheritance of a light Quality sensitive character in soybeans. *Crop Sci.* 11, 559~561
- [7] Nagai, I. and S. Saito. 1923. Linked factors in soybeans. *Japan. J. Bto.* 1, 121~136
- [8] Owen, F. V. 1927. Heredity and environmental factors that produce mottling in soybeans. *J. Agr. Res.* 34, 559~587
- [9] Owen, F. V. 1928. Inheritance studies in soybeans. III. Seed coat color and summary of all other mendelian characters thus far reported. *Genetics* 13, 50~79
- [10] Ross, J. P. 1963. Interaction of soybean mosaic and bean pod mottle viruses infecting soybeans. *Phytopath.* 53, 887
- [11] Shipe, E. R.; G. R. Buss and S. A. Tolin. 1979. A second gene for resistance to peanut mottle virus in soybeans. *Crop Sci.* 19, 656~658
- [12] Stewart, R. T. and J. B. Wentz. 1930. A defective seed—coat character in soybean. *J. Am. Soc. Agron.* 22, 658~662
- [13] Williams, L. F. 1952. The inheritance of certain black and brown pigments in the soybean. *Genetics* 37, 208~215
- [14] Woodworth, C. M. 1923. Inheritance of growth habit, pod color and flower color in soybeans. *J. Am. Soc. Agron.* 15, 461~495
- [15] Woodworth, C. M. and L. J. Cole. 1924. Mottling of soybeans. *J. of Heredity* 15, 349~354
- [16] Woodworth, C. M. 1933. Genetics of the soybean. *J. Am. Soc. Agron.* 25, 36~51

EFFECTS OF PLANTING DATES, MATURITY AND SOME QUALITATIVE
GENES ON THE FORMATION OF MOTTLED SEEDS IN SOYBEANS

Sun Zhiqiang J. E. Specht George Graef

(Soybean Institute, Jilin Academy of Agricultural Sciences)

Abstract

Thirty — one Clart and Harosoy isolines with various combination of genes for maturity,

stem termination, non-mottling, virus resistance and some seed coat pigment control loci were planted in a randomized complete split block design trial to investigate the effects of planting date and aforementioned genes on the development of mottled seeds in soybean. The planting date had great impacts on maturity, SMV and seed mottling severity. The maturities were significantly hastened by delayed planting, while the SMV symptoms, percentage of mottled seeds (PMS) and mottling index (MI) were significantly reduced by delayed planting. PMS and MI were negatively correlated with maturity. The analysis of the effects of gene substitutions revealed that tE1, E2, E3, Im and Rsv1 had significant effects on reducing the formation of soybean seed mottling. When these genes replaced their counterpart alleles, the values of PMS and MI reduced by 32.1% and 0.205, 8.8% and 0.043, 6.3% and 0.031, 27.1% and 0.202, 25.3% and 0.156, respectively, in this experiment. Te1, i-k and iR had significant effects on increasing the formation of soybean seed mottling. When these gene or gene combinations replaced their counterpart alleles, the values of PMS and MI increased by 13.8% and 0.126, 28.7% and 0.449, 6.43 and 0.115, respectively. Although R and Dt1 had relative large effect on SMV symptoms, they had little effects on the formation of seed mottling.

Key words Planting date; Qualitative genes; Seed mottling; Effect of gene substitution; Percentage of mottled seeds; Mottling index

1992 年《大豆科学》征订启事

《大豆科学》是由黑龙江省农业科学院主办的学术性刊物。国内外公开发行人。由全国各地邮局订阅,季刊,16开本,每期12万字左右。国内每期订价:2.20元,国外每期订价10.00美元(包括邮资)。

《大豆科学》贯彻执行“百花齐放,百家争鸣”的方针,开展学术交流。刊登有关大豆的遗传育种,品种资源,生理生态,耕作栽培,病、虫、杂草防治,营养施肥及生物学等方面的科研报告,学术论文,国内外研究进展评述,研究简报,学术活动简讯等。

《大豆科学》主要面向从事大豆科学研究的科技工作者,农业院校师生,国营农场及各级农业技术推广部门的技术人员、干部。

订阅办法:全国各地邮局,如在邮局漏订,可直接汇款至编辑部订购。联系地址哈尔滨市学府路50号《大豆科学》编辑部,邮政编码:150086。

国外发行由中国国际图书贸易总公司(北京399信箱)订阅,国外代号Q4162。