

大豆杂种不同世代(F_2 — F_6)蛋白质含量遗传变异与选择世代分析^{*}

孟祥勋 杨庆凯

(1. 苏州大学生命科学学院, 苏州 215151; 2. 东北农业大学大豆所, 哈尔滨 150030)

摘要 将两个杂交组合后代, 采用两种处理方法: (1) 一粒传方法形成 F_2 — F_6 各自世代混合群体; (2) 混合群体 F_2 — F_5 世代分别随机抽取单株形成 $F_{2.3}$ (F_2 衍生的 F_3 系统, 以下类推)、 $F_{3.4}$ 、 $F_{4.5}$ 、 $F_{5.6}$ 系统。统计分析了混合群体 F_2 — F_6 各世代蛋白质含量的遗传变异及分离分布; 对不同世代 $F_{2.3}$ — $F_{5.6}$ 系统内的变异情况与亲本一起进行了分析比较, 以明确杂种后代蛋白质含量分离或相对稳定世代。统计分析结果表明, (1) 两组合一粒传处理形成的 F_2 — F_6 代间, 平均蛋白质含量基本一致, 而其变异系数、方差及总变异幅度, 有随世代提高逐渐缩小的趋势, 这可能是随世代推进, 非加性效应减少所致; (2) 两组合分别于 F_3 或 F_4 形成的 $F_{3.4}$ 、 $F_{4.5}$ 世代系统内蛋白质含量的变异均呈下降趋势, 并且趋于稳定。即至 $F_{3.4}$ 或 $F_{4.5}$ 之后, 蛋白质含量的标准差、变异系数、总变异幅度基本稳定, 与其亲本相似, 其变异基本属于环境条件引起的非遗传变异。这表明蛋白质含量的分离变异幅度至 F_4 或 F_5 系统内已很小, 因此, 蛋白质含量分离不大的杂交组合后代的选择可于 F_3 或 F_4 代一次完成。

关键词 大豆; 蛋白质; 遗传与选择

中图分类号 S 565.103.2 文献标识码 A 文章编号 1000—9841(2002)01—0025—06

作物品种改良中, 杂种后代性状的遗传变异是实现育种目标进行选择的基础。大豆杂种后代蛋白质含量的遗传变异研究, 推动了大豆蛋白质含量的遗传改良。

早在 50 年代, Weber (1950) 利用栽培大豆 (蛋白质含量 42.34%) × 野生大豆 (52.04%) 对后代蛋白质含量进行了研究。其结果是: F_1 和 F_2 平均蛋白质含量分别为 50.77% 和 49.5%, 倾向于高值亲本的野生大豆; F_2 呈连续变异, 近正态分布, 并有一定的超亲分离。

Wilcox 和 Simpson^[13], 胡明祥等分析了栽培大豆杂交组合 F_1 代蛋白质含量及 F_2 变异分布。结果认为, 蛋白质含量 F_1 介于两亲之间, 多数组合超过中亲值 (MP), 而倾向于高亲值, 少数组合低于 MP, F_2 呈明显的分离, 表现为一系列微小差异的广泛分布, 分布方式近似正态。但组合间存在着差异, 分离幅度有大小, 某些组合出现双峰分布, 较小峰出现在

蛋白质含量变幅的较高值段上。并且 F_2 还普遍有超亲分离。

张国栋等^[4] 对野生、半野生大豆与栽培大豆杂交后代的分析表明, 野生、半野生亲本的高蛋白含量表现为部分显性或超显性, F_2 、 F_3 都表现有明显的超亲分离。陈恒鹤等^[5] 利用栽培大豆品种间杂交后得出, 杂交后代蛋白质含量的变异幅度, 受双亲限制很少出现超亲分离的个体。

关于大豆品种间杂种不同世代蛋白质含量的遗传变异特点尚缺乏详细的研究报道。Serbern 和 Lambert^[10], 孟祥勋等^[3] 根据杂种 F_2 或 F_3 蛋白质含量高低分组建立的 F_3 或 F_4 系统的组群间, 蛋白质含量仍有重叠的结果认为, 系统内仍有较大的变异分离。邱丽娟等^[2] 利用 6 个组合的研究还发现, $F_{3.4}$ 家系的蛋白质含量变异系数大于 $F_{2.3}$ 的变异系数。

关于大豆蛋白质含量的适宜选择世代, 许多研

* 收稿日期: 2001—02—23

作者简介: 孟祥勋, (1955—), 男, 博士, 教授。原在吉林省农科院从事大豆遗传育种工作, 现调入苏州大学生命科学学院生物科学系从事遗传学的教学及科研。

究已明确, 早世代(F_2)选择是有效的(Brim 和 Burton 1973, Miller 和 Fehr 1979, Serbern 和 Lambert 1984, 胡明祥等 1984, 尹丽华等 1992)。但是以后的连续世代中是否还需要进行选择尚不明确, 为提高育种效率, 对蛋白质含量进行经济有效选择, 需要进一步明确蛋白质含量的分离世代或相对的趋近稳定的世代。本研究利用两个组合 F_2 — F_6 群体及 $F_{2.3}$ — $F_{5.6}$ 系统, 对不同世代蛋白质含量的遗传变异特点进行了分析比较。

1 材料与方法

以子粒蛋白质含量不同的 4 个大豆品种配置两个杂交组合: ♀吉林 28 (46. 6%) × ♂吉林 27 (40. 3%)(组合 I); ♀吉林 26 (46. 4%) × ♂吉林 20(39. 2%)(组合 II)。对后代采用摘荚一粒传方式产生 F_2 、 F_3 、 F_4 、 F_5 , 每个世代分别随机取 10 个单株形成 $F_{2.3}$ 、 $F_{3.4}$ 、 $F_{4.5}$ 、 $F_{5.6}$ 各世代的系统。

1994 年田间顺序排列与亲本一起种植 F_2 — F_6 混合群体及 $F_{2.3}$ — $F_{5.6}$ 系统。每个混合群体世代 5 行; 亲本 10 个单株, 各种 1 行; $F_{2.3}$ — $F_{5.6}$ 每株系 1 行, 即每个世代 10 行。行长 45m, 行距 65cm, 株距

7. 5cm。
成熟时, 每个混合群体随机收获 90 个单株, 亲本和 $F_{2.3}$ — $F_{5.6}$ 系统每株行收获 30 株。单株脱粒, 采用 51A 型近红外分析仪测定蛋白质含量。蛋白质含量变异分布正态检验采用范福仁^[6]介绍的方法。

2 结果分析

2. 1 F_2 — F_6 变异分布及其正态检验

两个组合 F_2 — F_6 混合世代群体蛋白质含量的变异分布统计结果列于表 1。从表 1 可看出, 不同杂种世代有广泛的变异, 亲本本身由于环境影响也有一定的变异幅度。组合 I 母本蛋白质含量变化在 43.01—49. 00% 之间, 父本变化在 36. 0—43. 00% 之间, 以蛋白质含量 1% 为分组的组距, 两者变异范围均达 6—7 个组; 而 F_2 及其相应的 F_3 — F_6 世代变异幅度基本在 40. 01—48. 00% (或 49. 00%) 之间。变异分布在 7 或 8 个组距之内; 从各世代分布结果与亲本比较看, F_2 — F_6 代几乎没有低于低值亲本平均值的个体, 而有相当大的比例超过高值亲本的平均值, 但没有超过高值亲本变异的上限值。

表 1 两个组合亲本及 F_2 — F_6 各世代群体蛋白质含量变异分布

Table 1 Variation distribution of protein content in F_2 — F_6 generations

组合 世代 Cross Gener.		蛋白质含量(%) Protein content (%)											
		37. 01	38. 01	39. 01	40. 01	41. 01	42. 01	43. 01	44. 01	45. 01	46. 01	47. 01	48. 01
		< 37. 00	38. 00	39. 00	40. 00	41. 00	42. 00	43. 00	44. 00	45. 00	46. 00	47. 00	49. 00
I	♀							1. 2	9. 3	38. 4	41. 9	8. 1	1. 2
	♂	2. 3	6. 0	22. 6	34. 5	26. 2	6. 4	1. 2					
	F_2						1. 2	6. 9	11. 6	20. 0	33. 7	20. 0	5. 8
	F_3						1. 0	6. 1	12. 5	31. 3	19. 8	13. 5	10. 4
	F_4						1. 2	10. 2	17. 9	26. 9	24. 4	11. 5	3. 8
	F_5						1. 4	8. 7	5. 8	27. 5	34. 8	14. 5	4. 4
	F_6						1. 2	8. 3	16. 6	35. 7	19. 1	11. 9	7. 2
	ΣF_i						1. 2	8. 0	20. 9	28. 3	26. 4	14. 0	6. 3
II	♀							2. 2	6. 7	22. 5	41. 6	23. 9	3. 4
	♂		4. 9	11. 1	34. 7	43. 2	16. 1						
	F_2				3. 2	8. 4	12. 6	17. 8	25. 3	18. 9	12. 5	1. 1	
	F_3					2. 2	16. 8	23. 5	29. 2	22. 5	3. 4	2. 2	
	F_4					1. 1	16. 3	22. 8	32. 6	18. 4	7. 6	1. 1	
	F_5					6. 3	11. 3	20. 0	23. 8	20. 0	10. 7	2. 5	
	F_6					1. 2	8. 1	41. 8	32. 6	12. 8	3. 5		
	ΣF_i					0. 6	3. 8	13. 0	24. 8	28. 7	18. 5	8. 1	1. 4

组合 II 母本蛋白质含量变化在 42.01—48.00% 之间, 父本在 38.01—43.00%, 均占 5 个组距。 F_2-F_6 变化在 40.01 (或 41.01)—48.00% 之间, 分布在 7 或 8 个组距内。与组合 I 相似, F_2-F_6 各世代没有低于低值亲本变异的下限个体, 有极少数分离个体低于低值亲本的平均值。超过高值亲本平均值或达到高值亲本变异上限的个体较多。这些结果表明, 大豆蛋白质含量的超亲分离, 一般情况超过亲本平均值是普遍存在的, 但超过亲本本身变异的上限则很少; 超高值亲本平均值的比例较多, 很少有低于低值亲本平均值的个体, 意味着低值亲本所具有的基因基本为最低基因数目, 随着高值亲本基因的引入, 后代蛋白质不同程度均有所提高, 并且有一定的上位效应存在, 从大部分世代偏向于高值方向也可证明这一点。

从变异分布及正态分布检验(表 1 和表 2)结果可见, 两组合各世代均呈单峰并符合正态分布。但就其偏度而言, F_2 代两组合均呈显著的偏高值亲本

分布; F_3-F_6 代, 组合 I 则全部符合正态无偏度的分布, 组合 II 世代间不尽一致, F_3 、 F_5 代符合无偏度的正态, 而 F_4 偏右, F_6 偏左。全部世代作为一个群体的分析检验结果, 两组合的总体分布均属于单峰偏左的分布方式。这表明, 大豆蛋白质含量并不是简单的加性遗传, 有一定的非加性效应, 但加性是主要的, 占遗传份量的绝大部分, 这与蛋白质含量基因效应分析的结果是符合的。

2.2 F_2-F_6 各世代遗传变异比较

两个组合亲本及 F_2-F_6 各世代混合群体蛋白质含量的平均数、标准差、变异系数及变异幅度列于表 3。可见, 组合 I F_2 代及组合 II F_2 、 F_3 代标准差、变异系数稍大之外, 其余各世代平均数、标准差及变异幅度基本一致。两组合 F_4-F_6 代变异略小于 F_2 或 F_3 代的变异, 可能是随世代推进显性效应逐渐减弱的缘故。这些结果(表 1 和表 3)表明, 采用一粒传处理方法, 基本上可以使后代保持 F_2 群体蛋白质含量的总变异幅度。

表 2 两组合 F_2-F_6 蛋白质含量分布正态检验

Table 2 Test of normal distribution for protein content in F_2-F_6 generations

组合 Cross	世代 Generation	峰度检验 Peak degree				偏度检验 Bias degree			
		G_1	S_1	F_1	符合性	G_2	S_2	F_2	符合性
I	F_2	0.2342	0.2554	-0.9196	符合	-1.1100	0.5056	-2.1954	偏左
	F_3	0.2526	0.2582	0.9782	符合	0.7326	0.5111	-1.4333	符合
	F_4	0.1797	0.2582	0.6961	符合	0.3256	0.5111	0.6899	符合
	F_5	-0.4935	0.2887	-1.7094	符合	-0.9852	0.5701	-1.7282	符合
	F_6	-0.5013	0.3086	-1.6241	符合	0.6517	0.6085	1.0711	符合
	总体	-0.0967	0.1352	-0.7155	符合	-0.7970	0.2696	-2.9555	偏左
II	F_2	-0.2926	0.2513	-1.1643	符合	-1.2062	0.4977	-2.4235	偏左
	F_3	0.3085	0.2554	1.2080	符合	0.3548	0.5056	0.7011	符合
	F_4	-0.1324	0.2513	-0.5267	符合	2.8487	0.4977	5.7235	偏右
	F_5	0.0974	0.2657	0.3663	符合	-0.6562	0.5256	-1.2484	符合
	F_6	0.1657	0.2554	0.6489	符合	-6.4961	0.5056	-1.2848	偏左
	总体	0.0775	0.1177	0.3207	符合	-4.0829	0.2349	-17.3819	偏左

2.3 $F_{2.3}-F_{5.6}$ 系统遗传变异比较

两组合各世代系统 $F_{2.3}-F_{5.6}$ 9 个株系的平均蛋白质含量及其变异参数平均结果列于表 4 (每个株系 30 个单株)。可以看出, 每个组合内, 杂种各世代 ($F_{2.3}-F_{5.6}$) 平均蛋白质含量近似, 这是因为每个系统都是来自前一世代的随机单株, 代表整个组合的平均蛋白质水平。但是其平均数标准差则有不同, 说明不同世代取样的差异有大有小。从每个世代 9 个系统标准差平均结果可见, $F_{2.3}$ 的标准差最大, 与

亲本标准差差异显著性测验也达显著水平, 意味着 F_2 代单株生成的 F_3 系统内仍有明显的变异, 这一世代蛋白质含量尚不稳定; 进一步比较 $F_{3.4}-F_{5.6}$ 世代系统可见, 这些世代系统间的标准差数值基本相近, 表 4 $F_{2.3}-F_{5.6}$ 各世代系统蛋白质平均值及变异参数比较与双亲也基本接近, 其差异基本上属于随机误差或与亲本一样属于环境变异, 这表明自 $F_{3.4}$ 系统起, 蛋白质含量基本稳定。因此可以认为 F_3 或 F_4 是比较合适的选择世代。

表3 亲本及 F₂—F₆ 世代蛋白质平均值和变异参数

Table 3 Means and variation parameters of protein content in parent and F₂—F₆

组合	世代	平均数	标准差	变异系数	变异幅度	组合	世代	平均数	标准差	变异系数	变异幅度
Cross	Generation	Mean	Sd	CV	Variation range	Cross	Generation	Mean	Sd	CV	Variation range
I	♀	46.78	0.8407	1.7971	48.61—44.67	II	♀	46.16	1.0213	2.2165	48.11—49.76
	♂	40.75	1.0293	2.5613	42.56—37.79		♂	41.04	0.9557	2.3575	42.24—38.56
	F ₂	44.11	1.6443	3.7279	47.69—40.77		F ₂	44.17	1.4049	3.1104	47.66—40.87
	F ₃	44.26	1.1928	2.6947	47.03—40.55		F ₃	44.18	1.4499	3.2818	47.38—41.87
	F ₄	44.69	1.1831	2.6476	46.03—40.92		F ₄	44.22	1.2991	2.9378	47.89—41.96
	F ₅	44.51	1.2833	2.8830	47.59—40.22		F ₅	44.89	1.2137	2.7037	47.76—41.43
	F ₆	44.07	0.9961	2.2603	46.72—40.37		F ₆	44.03	1.2696	2.8834	47.59—41.66

表4 F_{2.3}—F_{5.6} 蛋白质平均值和变异幅度

Table 4 Means and variation parameters of protein content in F_{2.3}—F_{5.6} lines

组合	世代	平均(标准误)	标准差	标准差差异测验		变异系数	变异幅度(差值)
				与 ♀(T 值)	与 ♂(T 值)		
Cross	Generation	Mean(Se)	Sd			CV	Variation range(difference)
I	♀	46.63(0.447)	0.8971			1.9238	48.47—44.73(3.74)
	♂	40.23(0.752)	0.9629			2.7932	42.79—37.52(5.27)
	F _{2.3}	44.81(0.261)	1.0362	—2.168+	—0.846	2.3106	46.80—41.34(5.46)
	F _{3.4}	44.61(0.796)	0.9622	—1.206	—0.203	2.0888	46.46—42.38(5.08)
	F _{4.5}	44.88(0.565)	0.9773	—1.628	1.107	2.0439	46.53—40.96(5.57)
	F _{5.6}	45.13(0.592)	0.8518	0.313	0.348	1.8874	46.97—43.07(3.90)
II	♀	46.18(0.367)	0.8466			1.8333	47.49—43.44(4.05)
	♂	40.89(0.747)	0.9458			2.3186	42.74—38.96(3.78)
	F _{2.3}	44.44(0.508)	1.8330	—6.568+	—5.285+	3.9945	47.79—40.89(6.90)
	F _{3.4}	44.74(0.895)	1.0722	—1.342	—0.720	2.3965	47.30—41.00(6.28)
	F _{4.5}	45.33(0.672)	1.0187	—0.647	0.624	2.2473	47.05—42.73(4.72)
	F _{5.6}	44.69(0.414)	0.8940	—0.040	0.130	2.0007	46.60—42.04(4.51)

注: N=16 T0.05=2.120

为了进一步比较不同世代系统间变异幅度大小,将 F_{2.3}—F_{5.6}各世代9个系统内的变异幅度(最大值—最小值)累加,结果列于表5。由于各世代不同系统是上一代随机选取的单株,蛋白质含量平均数不同,变异幅度的上限或下限会随平均值的高低变化,如果以各世代不同系统变异幅度上和下限(最大和最小值)值平均,或每世代全部系统的总变异幅度上限及下限值,则不能反应出各世代系统内的变异大小。采用表5中各世代9个系统内变异幅度上下限之差的累加值来代表不同世代系统进一步分离变异的程度(图2)可发现,虽然每个世代内系统间有一定差异,既有稳定的(变异小的),也有分离的(变异大的),但9个系统的累加值与其亲本相比较,则可大体上反映各世代的变异分离程度或相对稳定程度。

从表5结果可看出,组合I F_{2.3}内变异大于亲本,F_{3.4}则接近或小于亲本值;组合II F_{2.3}和F_{3.4}系统内仍存在一定的变异,F_{4.5}则接近或小于亲本。因此可以认为F_{3.4}或F_{4.5}为两组合相对的稳定世代,这与上述标准差差异大小的比较结果基本一致。

表5 各世代不同系统 F_{2.3}—F_{5.6} 变异幅度平均值

Table 5 Means of variation range for each generation of the F_{2.3}—F_{5.6} lines

组合I Cross I		组合II Cross II	
世代	变异幅度平均值	世代	变异幅度平均值
Generation	Variation range mean	Generation	Variation range mean
♀	3.366	♀	3.645
♂	4.743	♂	3.402
F _{2.3}	4.914	F _{2.3}	6.210
F _{3.4}	4.514	F _{3.4}	5.652
F _{4.5}	4.313	F _{4.5}	4.248
F _{5.6}	3.510	F _{5.6}	4.050

3 讨论

3.1 大豆杂种后代蛋白质含量的变异

大豆品种间或种间杂交后代蛋白质含量的遗传变异幅度, 受双亲蛋白质含量差异大小左右, 双亲差异大, 后代变异幅度广泛, 反之亦然(陈恒鹤 1987, 邱丽娟等 1990), 变异分布属数量性状连续变异的近正态分布(胡明祥等 1984)。但关于蛋白质含量是否存在超亲分离, 过去的研究结果尚不一致。通常认为, 双亲差异大的栽培大豆与野生大豆组合后代, 大多出现高蛋白为部分显性或超显性, 有明显的超亲分离现象(Weber 1950, 张国栋等 1989); 同时也有报道, 栽培大豆杂交后代有超亲分离的报道(胡明祥等 1984)。本结果对栽培大豆蛋白质含量杂种后代是否存在超亲分离的认识是, 如果后代(F_2)变异分离幅度与亲本平均蛋白质含量比较, 则存在普遍超亲分离。众所周知, 大豆蛋白质含量是一个易受环境影响的性状, 一个亲本单株后代不同的株间仍有较大的变异幅度(表 4), 即环境变异。如果杂种后代与亲本株间变异的极大值相比较, 则超亲分离很少。因为杂交后代除了双亲遗传差异引起的变异外, 也存在一定的环境变异。

3.2 关于大豆杂种后代蛋白质含量的分离或稳定世代

大豆杂种后代蛋白质含量的分离世代及稳定世代尚缺乏报道。本文根据两个组合 $F_{2.3}-F_{5.6}$ 代的分析表明, F_2 代单株衍生的 F_3 系统或 F_3 单株生成的 F_4 系统(组合 II)内仍有一定的遗传变异, 但在 $F_{3.4}$ (组合 I)或 $F_{4.5}$ (组合 II)则基本稳定, 与亲本群体的变异参数(标准差、变异幅度)相近似。因此认为, 就单株蛋白质含量的选择而言, 推迟至 F_3 或 F_4 代是适宜的, 并且可在这种世代一次性完成蛋白质含量的选择。Hanson 和 Weber(1962)曾提出, 为了能获得更完全的蛋白质含量取样范围, 选择世代至少应推迟至 F_3 以后。Kelly 和 Bliss(1975)也提出, 产量的提高比蛋白质重要, 并且子粒产量的测定比蛋白质测定容易, 因此, 应优先考虑产量。

3.3 关于蛋白质含量选择的处理方法

许多研究表明, 大豆杂种早世代(F_2)蛋白质含量有广泛的变异分离, 并且有较高的遗传力, 可进行有效的选择(尹丽华等 1992, 孟祥勋等 1991, 胡明祥等 1984, 陈恒鹤等 1991, Erickson 等 1981, Serbem 等 1988)。本文通过对从 F_2 代起采用一粒传产生的

F_2-F_6 各代混合群体以及相应的 $F_{2.3}-F_{5.6}$ 系统蛋白质含量遗传变异的分析认为, 一粒传加代形成的晚世代仍可保持早世代所具有的蛋白质含量广泛的变异性; 同时 F_2 衍生的 F_3 ($F_{2.3}$)或 F_3 衍生的 F_4 ($F_{3.4}$)系统内仍有一定的分离。因此, 如果采用早世代单株蛋白质含量的选择, 以后世代不再继续选择, 所形成的群体中可能仍有较大的变异幅度。由于产量与蛋白质含量的负相关或显性效应的存在, 随着世代的增加, 平均蛋白质含量则有可能下降(尹丽华 1992)。根据本研究结果, 为提高选择的有效性 & 选择效率, 同时又考虑减少蛋白质含量重复分析测定的费用, 建议采用一粒传推进世代, 考虑不同组合蛋白质含量变异大小, 推迟至 F_4 或 F_5 代进行选择是适宜的。当然, 这种方法是指杂种后代的第一次初步选择处理。必要时, 经一次初选之后, 再经过综合性状及产量特性鉴定, 再一次进行蛋白质含量的测定分析是十分必要的。

参 考 文 献

- 1 尹丽华, 陈恒鹤. 大豆蛋白质脂肪含量早世代选择效果研究[J]. 吉林农业科学, 1992, 69(2): 21—23.
- 2 邱丽娟, 王金陵, 杨庆凯. 大豆蛋白质育种的亲本选配和后代选择的研究 I. 大豆杂种 F_2 、 F_3 、 F_4 代蛋白质含量的遗传变异特点[J]. 大豆科学, 1990, 11(4): 271—277.
- 3 孟祥勋, 胡明祥. 大豆子粒蛋白质含量早世代选择效果及其对产量和脂肪含量的影响[J]. 大豆科学, 1991, 10(3): 179—186.
- 4 张国栋, 王金陵, 孟庆喜. 大豆种间杂交主要农艺性状和蛋白质含量的遗传变异研究[J]. 大豆科学, 1989, 8(1): 1—9.
- 5 陈恒鹤, 尹丽华, 王大秋. 大豆蛋白质及脂肪含量的遗传和选择效果研究, II. 早世代的变异与选择[J]. 大豆科学, 1991, 10(1): 1—9.
- 6 范福仁. 生物统计学[M]. 江苏科学技术出版社, 1980.
- 7 Brim C. A., C. C. Cockerham. Inheritance of quantitative characters in soybeans[J]. Crop Sci. 1961, 1: 187—190.
- 8 Kelly J. D. and F. A. Bliss. Heritability estimates of percentage seed protein and available methionine and correlation with yield in dry beans[J]. Crop Sci. 1975, 15: 753—757.
- 9 Miller J. E., W. R. Fehr. Direct and indirect recurrent selection for protein in soybean[J]. Crop Sci. 1979, 19(1): 101—105.
- 10 Serbem N. A., J. R. Lambert. Effect of stratification for percent protein in two soybean populations[J]. Crop Sci. 1984, 24(2): 225—228.
- 11 Simpson A. M., J. R. Wilcox. Genetic and phenotypic association of agronomic characteristics in four high protein soybean populations[J]. Crop Sci. 1983, 23(6): 1077—1081.
- 12 Weber C. R. Inheritance and interrelation of some agronomic and chemical characters in an interspecific cross in soybeans *G. max* ×

G. ussuriensis. Iowa Agric. Exp. Res. Bull. 1950, 374: 767—816.

13 Wilcox J. R., A. M. Simpson Jr. Performance of reciprocal soybean hybrids[J]. Crop Sci. 1977, 17(3): 351—352.

INHERITANCE AND VARIATION OF PERCENT PROTEIN OF SEEDS IN F₂—F₆ GENERATIONS OF SOYBEAN CROSSES

Meng Xiangxun¹ Yang Qingkai²

(1. College of Life Sciences, Suzhou University 215151; 2. Institute of Soybean
Northeast Agricultural University)

Abstract Inheritance and variation of seed protein content in soybean crosses was analyzed using various progenies, F₂—F₆ and F_{2.3}—F_{5.6} of two crosses made with 4 soybean parents having different seed protein content.

Means, variation coefficients, variation ranges from genetic segregating generations were estimated using F₂—F₆ population derived from single seed descent (SSD) and F_{2.3}—F_{5.6} lines randomly selected from F₂—F₅ generation of two crosses and were compared with those from non-segregating parental population. Means of protein content were similar among F₂—F₆ generations. Variation coefficient and variation ranges for protein content became lower with the generation advanced. Variability of protein content among plants within the lines F_{2.3} (F₂—derived F₃), F_{3.4}, F_{4.5}, F_{4.5}, F_{5.6} lowered from early to late generation. Variation coefficients and ranges of F_{3.4} (cross I) or F_{4.5} (cross II) lines were comparatively similar to those among plants within a parental variety, indicating that no genetic variability in protein content was being segregated in the F_{3.4} or F_{4.5} generation of the lines. It was recommended to initiate selection for protein content of soybean seeds in those progenies of a hybrid.

Key words Soybean (*G. max*); Protein content; Inheritance and variation