

栽培大豆耐盐性的主基因+多基因混合遗传分析^{*}

罗庆云¹ 於丙军¹ 刘友良^{1,2**} 章元明² 薛艳玲¹ 张 艳¹

(1. 南京农业大学生命科学学院, 南京 210095; 2 南京农业大学大豆研究所,
农业部国家大豆改良中心, 南京 210095)

摘要 选用栽培大豆南农 1138-2(耐盐)、南农 88-31(较耐盐)和 Jackson(盐敏感)配制的南农 1138-2×南农 88-31 和南农 88-31×Jackson 等 2 套组合, 通过 P₁、P₂、F₁、F₂ 和 F_{2,3} 苗期植株耐盐性调查, 利用主基因+多基因混合遗传模型联合分离分析了栽培大豆耐盐性的遗传规律。结果表明南农 88-31×Jackson 和南农 1138-2×南农 88-31 耐盐性遗传均符合加性—显性—上位性多基因遗传模式。在高世代选择耐盐性植株的效率较高, 从 F_{2,3} 估计, 南农 88-31×Jackson 组合的 NaCl 耐性微效基因遗传率为 82.13%; 南农 1138-2×南农 88-31 组合的耐盐性微效基因遗传率为 67.47%。

关键词 栽培大豆; 耐盐性; 遗传; 主基因+多基因遗传模型; 多世代联合分离分析

中图分类号 S 565.1 **文献标识码** A **文章编号** 1000-9841(2004)04-0239-06

土壤盐渍化是影响农业生产和生态环境的一个重要因素。据统计, 全球盐土约占陆地面积的 1/3, 且工业污染、淡水资源匮乏及不合理灌溉方式导致次生盐碱地面积不断扩大。我国盐碱土的总面积约有近 4000 万 hm², 其中已开垦的有近 1000 万 hm², 还有近 3000 万 hm² 等待开垦利用; 同时, 次生盐渍化土壤近 1000 万 hm²。在耕地资源日益紧张的今天, 盐碱地的利用越来越受到关注^[1]。选育耐盐植物新品种是开发利用盐碱地最经济有效的途径之一。

栽培大豆(*G. max* L.)属于中度耐盐植物, 其盐害阈值约为 55mmol/LNaCl。在盐胁迫下, 株高、茎节和分枝、百粒重、单株荚数、粒数和粒重等下降, 导致产量下降, 盐敏感品种较耐盐品种所受的影响更大^[2]。在大豆耐盐性遗传研究中, 大都将耐盐性作为质量性状来研究, 如 Abel 在研究大豆叶片和茎秆排氯和吸氯性状的遗传特性时就将其作为质量性状来研究, 得出有关大豆叶片和茎秆排氯和吸氯受一对基因控制, 其中排氯为显性, 吸氯为隐性的结论^[3]。随着数量遗传学的发展, 人们逐步完善了对植物性状遗传组成的认识, 现代遗传学分析表明, 水

稻^[4]、小麦^[5]、番茄^[6]、大麦^[7]等作物的耐盐性遗传都受微效基因控制, 不存在主基因效应。本研究从数量遗传学角度, 利用耐盐性不同的栽培大豆组配的两个杂交组合的亲本、F₁、F₂ 和 F_{2,3} 等五个世代为材料, 采用植物数量性状主基因+多基因混合遗传模型分析方法^[8,9]联合分析其耐盐性遗传规律, 为栽培大豆耐盐育种提供依据。

1 材料与方 法

1.1 试验材料的准备

2000 年在南京农业大学国家大豆改良中心江浦试验农场配制南农 1138-2×南农 88-31 和南农 88-31×Jackson 等两个杂交组合。其中南农 8831 和南农 1138-2 为耐盐性较强的栽培大豆品种, Jackson 为耐盐性较弱的栽培大豆品种^[10]。2001 年和 2002 年夏天在农场繁种加代, 获得 F₂ 和 F_{2,3} 世代。

1.2 试验植株的培养

* 收稿日期: 2004-04-29

基金项目: 国家自然科学基金(39870069)、教育部博士点基金(1999002005)、瑞典国际科学基金(IFS)(C3143-1)和 863 计划(2002AA2Z4061)资助项目

作者简介: 罗庆云(1974-), 男, 博士, 主要从事植物逆境生理和遗传研究, E-mail: qingyunluo8588@sina.com

** 通讯作者: 刘友良, Tel: 025-84395347; E-mail: zwslsh@public1.ptt.js.cn

于2003年3月中旬待气温回升稳定后,在南京农业大学的玻璃温室内播种试验用材料,将参试组合的亲本、F₁、F₂和F_{2,3}种子播种于盛满经清水清洗的河砂的一次性塑料杯(容积为355ml,高10cm,下口径为5.5cm,上口径为9cm,底部具孔)中。播种前先用自来水将杯中的河砂浇透,使其上表面平整,并位于杯口以下1cm处。然后将种子播种于河砂的上表面,上覆1cm厚的河砂,再用自来水浇透。每一组合的亲本、F₁、F₂分播于多只塑料杯中,F_{2,3}世代的每个株系播种于同一塑料杯中,每杯播种10粒种子,并将同一组合的各世代布置在一起,以尽量均一同一组合各世代间小环境。之后,浇水培养至所有参试植株生长至2叶1心期后进行下述处理。光温条件:昼/夜温度为29±2℃/19±2℃,每日光照12—13小时。

1.3 盐胁迫处理

于2003年4月1日开始处理,刚开始处理时的NaCl浓度为100mmol/L,第三天将NaCl浓度调整为150mmol/L,第九天将NaCl浓度调整为250mmol/L。期间,每天统计出现盐害症状的植株数,并将受害植株从基部剪去。一直处理统计到所有参试植株都出现盐害症状。处理期间用空调控制温度,遇阴天,利用太阳灯进行补光。

1.4 遗传数据的分析方法

表1 两个组合的P₁、P₂、F₁、F₂和F_{2,3}世代植株耐盐系数(mmol/L·d)分布
Table 1 The distribution of salt tolerant efficiency (mmol/L·d) of P₁、P₂、F₁、F₂ plants and F_{2,3} lines populations of two soybean crosses

组合 Cross	世代 Population	350~ 950	1100~ 1550	1700~ 2150	2300~ 2750	2900~ 3350	3500~ 3950	4100~ 4550	4700~ 5150	Σf	\bar{x}
Nannong 88-31 × Jackson	P ₁	1	11		15	17		10		64	2804.7
	F ₁		2		2	4				8	2412.5
	P ₂		28		25	12				55	1913.6
	F ₂	23	61		53	12		2		151	1764.6
	F _{2,3}	4	38	49	46	22	1			160	2040.2
Nannong 1138-2 × Nannong 88-31	P ₁		75	30	56	47		9		217	2200.2
	F ₁							7	1	8	4193.8
	P ₂	1	11		15	27		10		64	2804.7
	F ₂	28	24	92	53	51		4	2	254	2051.2
	F _{2,3}		3	39	55	28	1			126	2357.4

组合南农1138-2×南农88-31的较感盐亲本南农1138-2(P₁)的耐盐系数为2200.2 mmol/L·d,低于耐盐亲本南农88-31(P₂)。F₁的耐盐系数为4193.8 mmol/L·d,超过双亲的耐盐系数(表1)。

2.2 大豆的耐盐性遗传

遗传数据分析采用主基因+多基因混合遗传模型分析方法^[8,9]。这种分析方法充分地考虑并利用了分离世代成分分布所提供的信息,从而使得分析的结果更加准确。

采用章元明等方法^[8]估计各遗传参数,参照盖钧镒等^[9]方法计算微效基因遗传率等。

利用各参试组合亲本、F₁、F₂和F_{2,3}世代的耐盐系数进行分析,耐盐系数的计算方法为:某植株的耐盐系数(mmol/L·d)=NaCl胁迫下某植株的存活天数(d)×NaCl处理浓度(mmol/L)^[11]。其中亲本、F₁和F₂世代的资料为个体观察值,F_{2,3}世代的资料为家系内各单株耐盐系数的加权平均数,其计算方法为,先统计该株系内各个单株的耐盐系数,再以该株系所有植株耐盐系数的总和除以该株系参试植株总数。

2 结果与分析

2.1 大豆的耐盐系数分布特征

组合南农88-31×Jackson的感盐亲本Jackson(P₂)的耐盐系数为1913.6 mmol/L·d,低于耐盐亲本南农88-31(P₁)的耐盐系数2804.7 mmol/L·d。F₁的耐盐系数为2412.5 mmol/L·d,为双亲中间型,略偏向于耐盐亲本(表1)。

2.2.1 遗传模型

利用主基因+多基因混合遗传模型分析方法对上述统计数据在各种模型下的由全部成分分布组成的似然函数(likelihood function),获得了参试组合

南农 88-31×Jackson 和南农 1138-2×南农 88-31 的亲本、F₁、F₂ 和 F_{2,3} 等 5 个世代的耐盐性在不同遗传模型下的极大似然函数和 AIC 值(表 2)。

了南农 88-31×Jackson 组合的 NaCl 耐性最优遗传模型为 C-0、C-1 和 D-0;南农 1138-2×南农 88-31 组合的耐盐性最优遗传模型为 C-0、C-1 (表 2)。

根据最小 AIC 值原则,从各种模型中初步确定

表 2 两组合的 P₁、F₁、P₂、F₂ 和 F_{2,3} 五代联合分析在不同遗传模型下的极大似然函数和 AIC 值

Table 2 The AIC values and the Max-likelihood-values under various genetic models of P₁、F₁、P₂、F₂ plants and F_{2,3} lines populations of two soybean crosses

模型 Model	Nannong 88-31× Jackson		Nannong 1138-2× Nannong 88-31		模型 Model	Nannong 88-31× Jackson		Nannong 1138-2× Nannong 88-31	
	Max-l	AIC	Max-l	AIC		Max-l	AIC	Max-l	AIC
A-1	-7731.55	15471.09	-5457.87	10923.75	D-2	-3484.01	6982.01	-5420.78	10855.56
A-2	-7756.46	15518.92	-5439.863	10885.73	D-3	-3494.62	7003.25	-5458.74	10931.48
A-3	-7781.49	15568.98	-5430.987	10867.97	E-0	-3473.27	6978.54	-5414.99	10861.97
A-4	-7717.62	15441.24	-5447.56	10901.11	E-1	-3476.14	6980.28	-5434.69	10897.37
B-1	-3476.29	6972.59	-5435.34	10890.68	E-2	-3477.31	6974.61	-5443.88	10907.76
B-2	-3480.64	6973.28	-5420.48	10852.96	E-3	-3479.88	6975.75	-5459.76	10935.52
C-0	-3471.98	<u>6963.96</u>	-5368.313	<u>10756.63</u>	E-4	-3477.31	6968.61	-5443.88	10901.76
C-1	-3476.06	<u>6966.12</u>	-5400.52	<u>10815.03</u>	E-5	-3477.20	6970.41	-5444.37	10904.74
D-0	-3472.60	<u>6965.21</u>	-5421.74	10863.49	E-6	-3477.31	6968.61	-5443.88	10901.76
D-1	-3480.05	6976.10	-5422.463	10860.93					

注:—表示 AIC 值较小,对应的模型为候选遗传模型
Note:—The AIC values of the candidate genetic models.

表 3 南农 88-31×Jackson 组合模型适合性检验

Table 3 Test of goodness-of-fit for model C-0, C-1 and D-0 of Nannong88-31×Jackson cross

模型 Model	群体 Population	U ₁	U ₂	U ₃	W ²	D _n
C-0	P ₁	0.248(0.6183)	0.173(0.6776)	0.071(0.7897)	0.7069(>0.05)	0.2172(>0.05)
	F ₁	0.043(0.8360)	0.071(0.7897)	0.071(0.7906)	0.0700(>0.05)	0.2963(>0.05)
	P ₂	0.093(0.7603)	0.017(0.8948)	2.926(0.0872)	0.7226(>0.05)	0.2606(>0.05)
	F ₂	0.467(0.4944)	0.020(0.8869)	<u>4.317(0.0377)</u>	1.7553(>0.05)	0.2650(>0.05)
	F _{2,3}	0.006(0.9363)	0.039(0.8434)	1.209(0.2716)	0.0745(>0.05)	0.0531(>0.05)
C-1	P ₁	0.938(0.3329)	0.852(0.3561)	0.003(0.9533)	0.8011(>0.05)	0.2395(>0.05)
	F ₁	4.851(0.0276)	6.981(0.0082)	<u>4.154(0.0415)</u>	0.5133(>0.05)	0.6471(>0.05)
	P ₂	0.028(0.8662)	0.312(0.5764)	2.502(0.1137)	0.7083(>0.05)	0.2379(>0.05)
	F ₂	1.577(0.2092)	0.436(0.5092)	<u>4.943(0.0262)</u>	1.8869(>0.05)	0.2818(>0.05)
	F _{2,3}	0.118(0.7307)	0.003(0.9530)	1.204(0.2725)	0.0832(>0.05)	0.0582(>0.05)
D-0	P ₁	0.302(0.5826)	0.313(0.5761)	0.012(0.9139)	0.7109(>0.05)	0.2240(>0.05)
	F ₁	0.053(0.8178)	0.107(0.7438)	0.172(0.6780)	0.0735(>0.05)	0.3082(>0.05)
	P ₂	0.114(0.7354)	0.072(0.7878)	<u>5.691(0.0170)</u>	0.7944(>0.05)	0.2716(>0.05)
	F ₂	0.401(0.5268)	0.104(0.7469)	1.346(0.2459)	1.6254(>0.05)	0.2566(>0.05)
	F _{2,3}	0.006(0.9363)	0.039(0.8433)	1.210(0.2714)	0.0745(>0.05)	0.0531(>0.05)

注:—表示 NaCl 耐性的分布与理论分布不一致(P<0.05)。
Note:—Values of distribution which disagree with the genetic models(P<0.05)。

对候选遗传模型的适合度检验表明,南农 88-31×Jackson 组合的 C-0 和 D-0 模型都只有 1 个

适合性检验统计量与分离群体的分布不一致($P < 0.05$),但 C-0 模型的适合性高于 D-0 模型。因此,加性-显性-上位性多基因模型(C-0)为南农 88-31×Jackson 组合的耐盐性最优遗传模型(表 3)。

南农 1138-2×南农 88-31 组合的 C-1 模型

表 4 南农 1138-2×南农 88-31 组合模型适合性检验

Table 4 Test of goodness-of-fit for model C-0 and C-1 of Nannong 1138-2×BB52 cross

模型 Model	群体 Population	U_1^2	U_2^2	U_3^2	$\chi^2 W^2$	D_n
C-0	P_1	0.303(0.5820)	0.112(0.7378)	<u>12.049(0.0005)</u>	2.6857(>0.05)	0.2534(>0.05)
	F_1	0.001(0.9697)	0.504(0.4776)	<u>7.256(0.0071)</u>	0.4716(>0.05)	0.4542(>0.05)
	P_2	0.268(0.6049)	0.221(0.6381)	0.015(0.9022)	0.7079(>0.05)	0.2197(>0.05)
	F_2	0.506(0.4770)	0.002(0.9661)	<u>6.676(0.0098)</u>	2.4578(>0.05)	0.2700(>0.05)
	$F_{2,3}$	0.053(0.8174)	0.101(0.7506)	0.142(0.7063)	0.1012(>0.05)	0.0614(>0.05)
C-1	P_1	0.007(0.9318)	0.079(0.7793)	2.109(0.1464)	2.3380(>0.05)	0.2273(>0.05)
	F_1	<u>23.342(0.0000)</u>	<u>38.367(0.0000)</u>	<u>36.779(0.0000)</u>	2.6055(>0.05)	0.9922(>0.05)
	P_2	1.487(0.2227)	1.187(0.2760)	0.133(0.7149)	0.8730(>0.05)	0.2587(>0.05)
	F_2	<u>11.827(0.0006)</u>	<u>6.690(0.0097)</u>	<u>8.840(0.0029)</u>	3.5127(>0.05)	0.3279(>0.05)
	$F_{2,3}$	0.836(0.3606)	1.009(0.3151)	0.228(0.6333)	0.1958(>0.05)	0.0863(>0.05)

注:—表示 NaCl 耐性的分布与理论分布不一致($P < 0.05$)

Note,—Values of distribution which disagree with the genetic models ($P < 0.05$).

有 6 个适合性检验统计量与分离群体的分布是不一致的,而 C-0 模型只有 3 个适合性检验统计量与分离群体的分布不一致的。说明,C-0 模型的适合性优于 C-1 模型。因此,加性-显性-上位性多基因模型(C-0)为南农 1138-2×南农 88-31 组合耐盐性的最优遗传模型(表 4)。

2.2.2 遗传参数的估计

从表 5 和表 6 可以看出,遗传杂交组合南农 88-31×Jackson 和南农 1138-2×南农 88-31 组合的 NaCl 耐性遗传都为加性-显性-上位性多基因

(C-0)遗传模型,不存在主基因效应。从 F_2 估计的微效基因遗传力较低,南农 88-31×Jackson 组合的 NaCl 耐性微效基因遗传力很小,南农 1138-2×南农 88-31 组合的 NaCl 耐性微效基因遗传力为 7.4%。从 $F_{2,3}$ 估计的微效基因遗传力较高,中子黄豆乙×BB52 组合的 NaCl 耐性微效基因遗传力为 88.76%;南农 88-31×Jackson 组合的 NaCl 耐性微效基因遗传力为 82.13%;南农 1138-2×南农 88-31 组合的 NaCl 耐性微效基因遗传力为 67.47%。表明,在 $F_{2,3}$ 世代选择耐盐性植株的效率高于 F_2 。

表 5 南农 88-31×Jackson 组合 C-0 模型分布和遗传参数的极大似然估计值

Table 5 The maximum likelihood estimates of component and genetic parameters in C-0 model of Nannong 88-31×Jackson cross

	参数 Parameter	估计值 Estimate	参数 Parameter	估计值 Estimate	参数 Parameter	估计值 Estimate
分布参数 Distribution parameter	μ_1	2804.6875	μ_5	2040.1490	σ_{10}^2	-119313.2500
	μ_2	2412.5000	σ_1^2	569123.500	σ_{20}^2	316510.6562
	μ_3	1913.6363	σ_2^2	385354.3437		
	μ_4	1764.5695	σ^2	688436.7500		
微效基因效应 Minor gene effect	m_1	2804.688	m_2	2412.5	m_3	1913.636
	m_4	1764.57	m_5	2040.149		
F_2	σ_p^2	569123.5	σ_e^2	688436.8	σ_{mg}^2	0
	σ_{pg}^2	-119313	h_{mg}^2	0	h_{pg}^2	-20.9644
$F_{2,3}$	σ_p^2	385354.34	σ_e^2	68843.69	σ_{mg}^2	0
	σ_{pg}^2	316510.7	h_{mg}^2	0	h_{pg}^2	82.13497

表 6 南农 1138-2×南农 88-31 组合 C-0 模型分布和遗传参数的极大似然估计值
Table 6 The maximum likelihood estimates of component and genetic parameters
in C-0 model of Nannong 1138-2×Nannong 88-31 cross

	参数 Parameter	估计值 Estimate	参数 Parameter	估计值 Estimate	参数 Parameter	估计值 Estimate
分布参数 Distribution parameter	μ_1	2200.230469	μ_5	2357.401855	$\sigma_{f_0}^2$	52953.9375
	μ_2	4193.750000	σ_f^2	715508.875	$\sigma_{g_0}^2$	137420.2500
	μ_3	2804.687500	σ_g^2	203675.75		
	μ_4	2051.181152	σ^2	662554.9375		
微效基因效应 Minor gene effect	m_1	2200.23	m_2	4193.75	m_3	2804.688
	m_4	2051.181	m_5	2357.402		
F ₂	σ_p^2	715508.88	σ_e^2	662554.9	σ_{mg}^2	0
	σ_{pg}^2	52953.94	h_{mg}^2	0	h_{pg}^2	7.400878
F _{2,3}	σ_p^2	203675.75	σ_e^2	66255.5	σ_{mg}^2	0
	σ_{pg}^2	137420.3	h_{mg}^2	0	h_{pg}^2	67.47011

3 讨论

盐胁迫对植物造成的危害主要是离子毒害、渗透胁迫和营养不平衡^[12],植物的耐盐性是多种生理性状的综合表现。耐盐性遗传分析表明,多种作物的耐盐性遗传都受微效基因控制,不存在主基因效应,这也是多年来人们在作物耐盐育种中工作进展十分缓慢、目前还没有真正意义上的耐盐作物育成品种的原因之所在。我们的研究表明栽培大豆的耐盐性与其他作物一样也受微效多基因控制,不同基因型的栽培大豆之间不存在等位基因的差异。这与邵桂花等有关大豆耐盐性受一对显性基因控制的结论不一致^[13],可能是由于所选用亲本的遗传背景不同所引起的。

我们的研究表明,在大豆耐盐性育种中如果仅仅利用栽培大豆难以有所突破。但是,我们可以利用栽培大豆的近缘野生种——野生大豆来改良栽培大豆耐盐性。这主要是由于:第一个方面,野生大豆与栽培大豆染色体数相等(2n=40),两个种间遗传物质容易交流^[14];第二个方面,我国的野生大豆资源极其丰富,目前收集到野生大豆 6000 余份,占世界总数的 90% 以上^[15];第三个方面,由于野生大豆分布广泛,存在许多变异,筛选利用耐盐性强的野生大豆种群来拓宽大豆育种遗传基础,改良栽培大豆耐盐性,具有极其重要的实践和理论意义。我们已从生理学^[16]和遗传学角度对利用耐盐性强的野生大豆改良栽培大豆的耐盐性进行了研究,结果表明这是一条有效的途径。

参 考 文 献

1 赵可夫,李法曾主编. 中国盐生植物[M]. 北京:科学出版社, 1999

2 常汝镇,陈一舞,邵桂花,等. 盐对大豆农艺性状及子粒品质的影响[J]. 大豆科学,1994,13(2):101-105

3 Abel GH. Inheritance of the capacity for chloride inclusion and chloride exclusion in soybeans[J]. Crop Sci., 1969, 9:697-689

4 林鸿宣. 应用分子标记检测水稻耐盐性的 QTL[J]. 中国水稻科学,1998,12(2):72-78

5 King IP, Purdie KA, Rezanoor HN, et al. Characterization of Thinopyrum bessarabicum chromosome segments in wheat using random amplified polymorphic DNAs (RAPDs) and genomic in situ hybridization [J]. Theor. Appl. Genet., 1993, 86(8): 895-900

6 Foolad MR, Tod S, Christopher D, et al. Mapping QTLs conferring salt tolerance during germination in tomato by selective genotyping[J]. Mol. Bre., 1997,3(4):269-277

7 ManoY, Takeda K. Mapping quantitative trait loci for salt tolerance at germination and the seedling stage in barley (*Hordeum vulgare* L.)[J]. Euphytica. 1997, 94 (3) : 263-272

8 章元明,盖钧镒. 利用 P₁、F₁、P₂、F₂ 和 F_{2,3} 家系五世代联合分离分析的拓展[J]. 生物数学学报,2002,17(3):363-368

9 盖钧镒,章元明,王健康. 植物数量性状遗传体系[M]. 北京:科学出版社(第一版). 2003

10 罗庆云,於丙军,刘友良. 大豆苗期耐盐性鉴定指标的检验[J]. 大豆科学,2001,20(3):177-182

11 Hu Z A, Wang H X. Salt tolerance of wild soybean (*Glycine soja*) in natural populations evaluated by a new method [J]. Soybean Genetics Newsletter, 1997, 24 : 79 — 80.

12. 刘友良,汪良驹. 植物对盐胁迫的反应和耐盐性[A]. 见:余叔文,汤章城 主编. 植物生理与分子生物学(第二版)[C],北京:科学出版社,1998,pp 752-769

- 13 邵桂花,常汝镇,陈一舞,等. 大豆耐盐性遗传的研究[J]. 作物学报, 1994, 20(6): 721~726
- 14 李文宾,杨庆凯,王金陵. 大豆品种与种间杂交后代农艺性状遗传的比较研究[J]. 大豆科学, 1986, 5(4): 265-276
- 15 庄炳昌主编. 中国野生大豆生物学研究[M]. 北京: 科学出版社, 1999
- 16 Luo QY, Yu BJ, Liu YL. Differential sensitivity to chloride and sodium ions in seedlings of *Glycine max* and *Glycine soja* under NaCl stress [J]. *J Plant Physiology*, 2004(In press)

THE MIXED INHERITANCE ANALYSIS OF SALT TOLERANCE IN CULTIVARS OF *GLYCINE MAX*

Luo Qingyun¹ Yu Bingjun¹ Liu Youliang^{1,2*} Zhang Yuanming² Xue Yanling¹ Zhang Yan¹

(1. College of Life Science, Nanjing Agricultural University, Nanjing 210095;
2. Soybean Research Institute, Nanjing Agricultural University, National Center of Soybean Improvement, Ministry of Agriculture, Nanjing 210095)

Abstract Inheritance of salt tolerance in P_1 , P_2 , F_1 , F_2 and $F_{2,3}$ from two cross of Nannong 88—31 \times Jackson and Nannong 1138—2 \times Nannong 88—31 were investigated by the mixed major gene plus poly—gene inheritance model of quantitative traits. The joint analyses results showed that salt tolerance of soybean cultivars was controlled by minor gene (the C—0 model). Heritability value of the minor gene was estimated as 82.13% and 67.47% in $F_{2,3}$ from cross of Nannong 88—31 \times Jackson and Nannong 1138—2 \times Nannong 88—31, respectively. This indicated that, for breeding of salt tolerant soybean, we should select the salt tolerant seedlings in advanced generation.

Key words Cultivated soybean; Salt tolerance; Inheritance; Mixed major gene and polygene inheritance model; Joint segregation analysis of multiple generations