

大豆苗期耐旱性与部分根系性状的遗传^{*}

杨守萍^{**} 陈加敏 何小红 喻德跃 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, 南京 210095)

摘要 采用主基因+多基因混合遗传分离分析法, 联合分析了母本干旱敏感型品种宁海晚黄豆(P₁)、父本耐旱型品种晋豆 19(P₂)及其杂交后代 F₁ 和 F₂ 四世代群体, 研究了大豆苗期耐旱性及大豆苗期根总长、根干重和主根长的遗传规律, 结果显示, 它们皆受 2 对主基因控制, 且皆有多基因效应, 其主基因效应分别表现为加性—显性—上位性效应、完全显性效应、等显性效应和等加性效应, 主基因遗传率分别为 12.16%、45.26%、16.95% 和 19.15%, 多基因遗传率分别为 83.54%、44.55%、72.20% 和 51.88%。

关键词 大豆; 苗期; 耐旱性; 根系性状; 遗传

中图分类号 S 565.1 文献标识码 A 文章编号 1000—9841(2005)04—0275—06

研究大豆对水分胁迫抗性的遗传对选育大豆耐旱性品种有重要的指导意义。鉴于作物耐旱机制的复杂性, 研究人员普遍认为作物的耐旱性状是数量性状^[1-4]。前人研究一般都是采用世代平均数法或加性、显性和上位性遗传模型分析方法, 其理论基础是多基因假说, 认为数量性状是由微效多基因控制的, 各位点有相同的遗传效应。近年来随着遗传学尤其是分子遗传学的迅速发展, 对控制数量性状的基因位点(QTLs)有了新的认识。从 QTL 作图和新的统计工具对原有资料的重新分析来看, 控制数量性状的基因在效应上存在很大的差异, 效应比较大的基因表现出主基因的特性, 效应比较小的基因表现出微效多基因的特性, 其遗传模型是介于主基因和多基因遗传模型之间的一种表现, 即主基因+多基因混合遗传模型^[5]。盖钧镒等^[6,7]将主基因+多基因混合遗传模型看作植物数量遗传的通用性模型, 单独主基因和单纯多基因遗传看成其特例, 从而发展了适合植物数量性状遗传分析的一对或两对主基因+多基因混合遗传模型的分离世代分析法。鉴于对大豆耐旱性的遗传研究还未见有详细的报道, 对大豆根系性状的遗传规律也缺乏详细的报道, 本文利用 P₁、P₂、F₁、F₂ 四世代群体, 采用主基因+多基因混合模型分析法, 以隶属函数值为耐旱性指标, 初步研究大豆苗期耐旱性的遗传机制, 以探讨大豆

苗期对水分胁迫的遗传规律, 同时分析了大豆苗期根系性状在水分胁迫下的遗传机制。

1 材料和方法

1.1 试验材料

根据前人研究结果, 选择干旱敏感型材料宁海晚黄豆为母本(P₁)、耐旱型材料晋豆 19 为父本(P₂), 于 2002 年夏在国家大豆改良中心、南京农业大学大豆研究所江浦试验站配置杂交组合, 2002 年秋获得 F₁ 种子, 2002 年冬在海南加代获得 F₂ 种子, 2003 年利用 P₁、P₂、F₁ 和 F₂ 四世代群体开展本研究。

1.2 试验设计及数据处理

2003 年在国家大豆改良中心、南京农业大学大豆研究所江浦试验站, 大棚条件下, 实施盆栽水分控制试验。盆栽基质为沙土混合物, 沙土比值为 85 : 15, 每次称取 42.5kg 细沙和 7.5kg 过筛细土, 混合均匀, 然后向沙土混合物喷洒水分, 搅拌均匀, 适宜水分处理加入 6kg 水, 干旱胁迫处理加入 3.5kg 水。每次处理的沙、土、水混合物平均分装成 10 盆, 分别称重记载。5 月 3 日播种, 5 月 26 日将基质倒出盆钵, 轻轻抖掉植株上的沙土, 以子叶节为界把植

* 收稿日期: 2005—03—28

基金项目: 国际原子能机构资助项目 No. 12988 (International Atomic Energy Agency Project No. 12988)

作者简介: 杨守萍(1967—), 女, 副教授, 博士, 主要从事大豆遗传育种研究。

** 通讯作者: Author for correspondence. E-mail: spyang@njau.edu.cn, sni@njau.edu.cn

株分为地上部分(简称茎)和地下部分(简称根),考查记载植株的株高、叶龄、主根长和最大根长,然后把植株浸入水中,轻轻洗掉根系上的沙土,立即将茎放入烘箱杀青,将根浸入 FAA 固定液处理半小时,利用 Epson 扫描成像仪扫描根,结合 WinRhizo 根系分析软件,获得包括根总长、侧根总长、根表面积、根体积等根系性状的数据资料,扫描结束后将全部根系于 105℃下杀青半小时,然后于 80℃下与茎一起烘至恒重,冷却后称重,分别记载根干重和茎干重。

隶属函数值分析方法为:

凡干旱减少某性状表现的耐旱隶属函数值(F)为:

$$F_i = \frac{X_i - X_{min}}{X_{max} - X_{min}}$$

凡干旱增加某性状表现的耐旱隶属函数值(F)为:

$$F_i = 1 - \frac{X_i - X_{min}}{X_{max} - X_{min}}$$

其中 Fi 为第 i 个植株某性状的耐旱隶属函数值, Xi 为第 i 个植株某性状在干旱胁迫条件下的性状值, Xmax 为某性状值中的最大值, Xmin 为某性状值中的最小值。以株高、叶龄、根干重和茎干重四

个性状的隶属函数值的平均值作为植株的耐旱隶属函数值。

1.3 遗传分析方法

采用盖钧镒等(2001)的主基因+多基因混合遗传模型分析法。其理论基础是混合分布理论,将分离世代的分布看作为多个主基因在多基因和环境下形成的多个正态分布的混合分布,其主要方法是通过极大似然法和 EM、ECM 或 IECM 算法对混合分布的有关成分分布参数作出估计,然后通过 AIC 值判别、一组适合性检验从中选择最适模型,并由此估计出相应的主基因和多基因的效应值及有关遗传参数。

2 结果与分析

2.1 P1、P2、F1 和 F2 耐旱隶属函数值及部分根系性状的次数分布

亲本宁海晚黄豆(P1)、晋豆 19(P2)及其杂交后代 F1 和 F2 的耐旱隶属函数值及部分根系性状的次数分布列于表 1,两亲本分别考查 8 个单株, F1 考查 6 个单株, F2 考查 114 个单株。

表 1 (宁海晚黄豆×晋豆 19)组合耐旱隶属函数值和部分根系性状的次数分布
Table 1 Distributions of FI and root traits of cross (Ninghaiwanhuangdou×Jindou19)

耐旱隶属函数值 FI					根总长 (cm)Full root length(cm)					根干重 (g)Dry root weight(g)					主根长 (cm)Main root length(cm)				
组限		次数(f)			组限		次数(f)			组限		次数(f)			组限		次数(f)		
Limit	P1	P2	F1	F2	Limit	P1	P2	F1	F2	Limit	P1	P2	F1	F2	Limit	P1	P2	F1	F2
0.12~	4			7	2712~				2	0.572~	3			1	59.15~				4
0.17~	4			7	2600~	1			2	0.542~	4			0	56.65~				2
0.22~				13	2488~	1			1	0.512~	1			3	54.15~				5
0.27~				17	2376~	2			3	0.482~				1	51.65~	3			5
0.32~				14	2264~	3			4	0.452~				8	49.15~	4			7
0.37~				12	2152~	1			4	0.422~				8	46.65~	1			7
0.42~				4	2040~				9	0.392~				13	44.15~				5
0.47~				4	1928~				12	0.362~				16	41.65~			1	12
0.52~			2	1	1816~				15	0.332~			1	13	39.15~			3	11
0.57~			1	4	1704~			4	17	0.302~				20	36.65~		2	2	12
0.62~			3	8	1592~			2	15	0.272~			1	14	34.15~		3		13
0.67~				6	1480~				18	0.242~				4	31.65~		2		7
0.72~				3	1368~				5	0.212~		2		4	29.15~		1		8
0.77~		2		8	1256~		1		3	0.182~		6		4	26.65~				3
0.82~		3		3	1144~		4		1	0.152~				1	24.15~				3
0.87~		2		2	1032~		3		3	0.122~				1	21.65~				9
0.92~		1		1											19.15~				1
n	8	8	6	114	n	8	8	6	114	n	8	8	6	114	n	8	8	6	114

2.2 大豆苗期耐旱性的遗传分析

利用 P1、P2、F1 和 F2 四世代群体,进行各种选

传模型分析, 通过 IECM 算法, 得到 A—1~E—6 共 24 个模型的似然函数值和 AIC 值, 列于表 2。由表 2 可知, AIC 值最低的 2 个模型为 E—1 和 D—0, 其 AIC 值分别为-131.996 和-130.465988(表 2 中的阴影部分), 故选择这两个模型作为备选模型进行分析。这两个模型的适合性测验见表 3。由表 3 可知, 这两个模型均通过了适合性测验, 其中 E—1 模型的 AIC 值较 D—0 模型的 AIC 值小, 因此选择 E—1 模

型作为大豆苗期耐旱性的遗传模型。根据遗传模型分类, E—1 模型为 2 对主基因+多基因模型, 主基因表现为加性—显性—上位性模型。一级参数的最小二乘估计值和二级参数估计值列于表 7 和 8。由表 7 可知: $\hat{m}=0.32$, $\hat{d}_a=0.13$, $\hat{d}_b=-0.06$, $\hat{h}_a=-0.56$, $\hat{h}_b=-0.13$, $[\hat{d}]=0.29$, $[\hat{h}]=0.58$ 。由表 8 可知: 耐旱性主基因遗传率较小, 为 12.16%, 多基因遗传率较大, 为 83.54%。

表 2 (宁海晚黄豆×晋豆 19)组合耐旱隶属函数值在不同模型下的似然函数值和 AIC 值

Table 2 AIC and lnL values under various genetic models of FI of cross (Ninghaiwanhuangdou×Jindou19)					
Model	lnL	AIC	Model	lnL	AIC
A—1	36.390125	-60.780251	B—2	42.75232	-71.5046
A—2	27.637888	-45.275776	B—3	36.65811	-63.3162
A—3	10.893531	-11.787062	B—4	34.79553	-61.591
A—4	26.43503	-42.87006	B—5	19.97925	-29.9585
D—0	73.232994	-130.465988	B—6	19.97932	-31.9586
D—1	50.456078	-86.912155	E—0	74.70366	-125.407
D—2	41.624123	-71.248245	E—1	74.99779	-131.996
D—3	37.957737	-63.915474	E—2	63.00037	-116.001
D—4	50.458183	-88.916367	E—3	42.78934	-79.5787
C—0	49.117222	-86.234444	E—4	40.24369	-76.4874
C—1	37.959496	-65.918991	E—5	42.46001	-78.92
B—1	52.232956	-82.465912	E—6	45.72564	-87.4513

表 3 (宁海晚黄豆×晋豆 19)组合耐旱隶属函数值部分模型的适合性检验

Table 3 Tests of goodness-of-fit for models E—1 and D—0 of FI of cross (Ninghaiwanhuangdou×Jindou19)						
模型 Model		U_1^2	U_2^2	U_3^2	nW^2	Dn
E—1	P ₁	0.017(0.90)	0.002(0.97)	0.447(0.50)	0.0332(>0.05)	0.1588(>0.05)
	F ₁	0.038(0.85)	0.274(0.60)	1.788(0.18)	0.0838(>0.05)	0.2846(>0.05)
	P ₂	0.000(0.99)	0.018(0.89)	0.331(0.56)	0.0515(>0.05)	0.1608(>0.05)
	F ₂	0.000(0.99)	0.000(0.99)	0.000(0.99)	0.0136(>0.05)	0.0308(>0.05)
D—0	P ₁	0.018(0.89)	0.001(0.97)	0.449(0.50)	0.0335(>0.05)	0.1584(>0.05)
	F ₁	0.034(0.85)	0.262(0.61)	1.773(0.18)	0.0832(>0.05)	0.2830(>0.05)
	P ₂	0.000(0.99)	0.020(0.89)	0.331(0.57)	0.0515(>0.05)	0.1601(>0.05)
	F ₂	0.009(0.92)	0.010(0.92)	0.001(0.98)	0.0166(>0.05)	0.0366(>0.05)

2.3 大豆苗期根系性状的遗传分析

利用 P₁、P₂、F₁ 和 F₂ 四世代群体, 分析的根系性状为根总长、根干重和主根长。

通过 IECM 算法, 得到 A—1~E—6 共 24 个模型的似然函数值和 AIC 值, 根总长的各遗传模型分析结果中, AIC 值最低的 2 个模型为 E—5 和 E—1, 其 AIC 值分别为 1917.429 和 1917.639, 故选择这两个模型作为备选模型进行分析。这两个模型的适合性测验见表 4。由表 4 可知, E—5 模型适合性检

验中的各统计量均是适合的, 而 E—1 模型有 1 个适合性检验的统计量呈显著差异, 表明 E—1 模型与分离群体的分布不一致, 另外, E—5 模型的 AIC 值较 E—1 模型的 AIC 值小, 因此选择 E—5 模型作为大豆苗期根总长的遗传模型, 即初步将根总长的遗传模型定为 2 对主基因+多基因遗传模型, 主基因表现为完全显性, 即显性效应等于相应的加性效应, 上位性效应为 0。一级参数最小二乘估计值和二级参数估计值列于表 7 和 8。由表 7 可知: $\hat{m}=1742.4$,

$\hat{d}_b = -67.5$, $\hat{d}_c = -250.29$, $\hat{h}_a = -67.5$, $\hat{h}_b = -250.29$, $[d] = 963.49$, $[h] = 228.7$, 由表 8 可知根总长的主基因遗传率中等, 为 45.26%, 多基因遗传率也中等, 为 44.55%。

根干重的各遗传模型分析结果中 AIC 值最低的 2 个模型为 E-6 和 E-4, 其 AIC 值分别为 -339.491 和 -339.478, 选择这两个模型作为备选模型进行分析。这两个模型的适合性测验见表 5。由表 5 可知, 这两个模型均通过了适合性测验, 其中 E-6 模型的 AIC 值较 E-4 模型的 AIC 值小, 因此

选择 E-6 模型作为大豆苗期根干重的遗传模型, 即初步将根干重的遗传模型定为 2 对主基因+多基因模型, 主基因表现等显性效应, 即两主基因的显性效应相等并与相应的的加性效应也相等, 上位性效应等于 0。一级参数最小二乘估计值和二级参数估计值见表 7 和 8。由表 7 可知: $\hat{m} = 0.39$, $\hat{d}_a = 0.01$, $\hat{d}_b = 0.01$, $\hat{h}_a = 0.01$, $\hat{h}_b = 0.01$, $[d] = 0.19$, $[h] = -0.15$, 由表 8 可知: 根干重的主基因遗传率较小, 为 16.95%, 多基因遗传率较大, 为 72.2%。

主根长的各遗传模型分析结果表明, 各模型均

表 4 根总长部分模型的适合性检验

Table 4 Tests for goodness-of-fit of models E-5 and E-1 of full root length

模型 Model		U_1^2	U_2^2	U_3^2	nW^2	Dn
E-5	P ₁	0.286(0.59)	0.013(0.91)	2.595(0.11)	0.1203(> 0.05)	0.3073(> 0.05)
	F ₁	0.811(0.37)	1.832(0.18)	3.711(0.05)	0.2568(> 0.05)	0.4484(> 0.05)
	P ₂	0.519(0.47)	0.753(0.39)	0.464(0.50)	0.1718(> 0.05)	0.3505(> 0.05)
	F ₂	0.264(0.61)	0.027(0.87)	1.770(0.18)	0.1207(> 0.05)	0.0897(> 0.05)
E-1	P ₁	0.061(0.80)	0.017(0.90)	2.211(0.14)	0.0923(> 0.05)	0.2714(> 0.05)
	F ₁	0.065(0.80)	0.091(0.76)	4.831(0.03)	0.1811(> 0.05)	0.3156(> 0.05)
	P ₂	0.100(0.75)	0.302(0.58)	0.950(0.32)	0.1164(> 0.05)	0.2958(> 0.05)
	F ₂	0.002(0.96)	0.002(0.96)	0.000(0.99)	0.0236(> 0.05)	0.0343(> 0.05)

表 5 根干重部分模型的适合性检验

Table 5 Tests for goodness-of-fit of models E-6 and E-4 of dry root weight

模型 Model		U_1^2	U_2^2	U_3^2	nW^2	Dn
E-6	P ₁	0.207(0.65)	0.498(0.48)	1.126(0.29)	0.1843(> 0.05)	0.3460(> 0.05)
	F ₁	0.363(0.55)	0.358(0.55)	0.004(0.95)	0.1478(> 0.05)	0.3419(> 0.05)
	P ₂	0.010(0.92)	0.151(0.70)	3.745(0.05)	0.1289(> .05)	0.2351(> 0.05)
	F ₂	0.162(0.69)	0.219(0.64)	0.099(0.75)	0.0555(> .05)	0.0606(> .05)
E-4	P ₁	0.207(0.65)	0.498(0.48)	1.126(0.29)	0.1843(> .05)	0.3460(> .05)
	F ₁	0.363(0.55)	0.359(0.55)	0.004(0.95)	0.1479(> .05)	0.3421(> .05)
	P ₂	0.010(0.92)	0.151(0.70)	3.745(0.05)	0.1288(> .05)	0.2351(> .05)
	F ₂	0.132(0.72)	0.187(0.67)	0.106(0.75)	0.0525(> .05)	0.0590(> .05)

表 6 主根长部分模型的适合性检验

Table 6 Tests for goodness-of-fit of models E-4 and E-6 of main root length

模型 Model		U_1^2	U_2^2	U_3^2	nW^2	Dn
E-4	P ₁	0.906(0.34)	0.075(0.78)	6.724(0.01)	0.4481(> 0.05)	0.4949(> 0.05)
	F ₁	4.414(0.04)	3.447(0.06)	0.506(0.48)	0.8034(< 0.05)	0.7226(< 0.05)
	P ₂	2.231(0.14)	4.850(0.03)	9.151(0.00)	0.5783(> 0.05)	0.5517(> 0.05)
	F ₂	0.671(0.41)	0.476(0.49)	0.169(0.68)	0.1127(> 0.05)	0.0641(> 0.05)
E-6	P ₁	0.878(0.35)	0.064(0.80)	6.838(0.01)	0.4523(> 0.05)	0.4961(> 0.05)
	F ₁	4.288(0.04)	3.286(0.07)	0.592(0.44)	0.7941(< 0.05)	0.7196(< 0.05)
	P ₂	2.116(0.15)	4.539(0.03)	8.345(0.00)	0.5604(> 0.05)	0.5479(> 0.05)
	F ₂	0.852(0.36)	0.590(0.44)	0.254(0.61)	0.1337(> 0.05)	0.0685(> 0.05)

有 4 个以上的适合性检验统计量呈显著差异, 选择 AIC 值最低的 2 个模型 E-4 和 E-6(其 AIC 值分别为 1014.55 和 1014.63)作为备选模型进行分析。这两个模型的适合性测验见表 6, 由表 6 可知, 这两个模型也均有 4 个适合性检验统计量呈显著差异, 但 E-4 模型的 AIC 值较 E-6 模型的 AIC 值小, 因此选择 E-4 模型作为大豆苗期主根长的遗传模型,

表 7 一级参数估计值

Table 7 The estimates of first order parameters

性状 Trait	模型 Model	一级参数 First order parameters										
		m	da	db	ha	hb	i	jab	jba	l	[d]	[h]
耐旱性 Drought tolerance	E-1	0.32	0.13	-0.06	-0.56	-0.13	0.17	0.1	0.4	0.4	0.29	0.58
根总长 Full root length	E-5	1742.4	-67.5	-250.29	-67.5	-250.29	—	—	—	—	963.49	228.7
根干重 Dry root weight	E-6	0.39	0.01	0.01	0.01	0.01	—	—	—	—	0.19	-0.15
主根长 Main root length	E-4	34.25	4.41	4.41	—	—	—	—	—	—	3.5	7.94

表 8 二级参数估计值

Table 8 The estimates of second order parameters

性状 Trait	模型 Model	二级参数 Second order parameters					
		σ_p^2	σ_e^2	σ_{mg}^2	σ_{pg}^2	$h_{mg}^2(\%)$	$h_{mpg}^2(\%)$
耐旱性 Drought tolerance	E-1	0.048	0.0020	0.0058	0.040	12.16	83.54
根总长 Full root length	E-5	111348.16	11337.90	50400.63	49609.63	45.26	44.55
根干重 Dry root weigh	E-6	0.00068	0.000073	0.00011	0.00049	16.95	72.20
主根长 Main root length	E-4	101.50	29.40	19.43	52.67	19.15	51.88

3 讨论

虽然还未发现有文章对大豆耐旱性遗传规律作比较详细的研究, 但大家都公认大豆耐旱性属于数量性状。近年来一系列有关耐旱性的分子生物学研究进展也表明, 耐旱性是一个复杂的数量性状。本研究利用强耐旱性品种与高干旱敏感品种组合, 采用盖钧铭等(2001)提出的主基因+多基因模型, 分析了大豆苗期耐旱性的遗传规律, 结果显示大豆苗期耐旱性性状具有主基因的效应。大豆耐旱性涉及一系列生理生化反应与复杂的信号转导过程, 大豆耐旱性不仅与耐旱发生的时间、严重程度、持续时间

即初步将主根长的遗传模型定为 2 对主基因+多基因遗传模型, 主基因表现为等加性效应, 显性效应和上位性效应等于 0。一级参数最小二乘估计值和二级参数估计值见表 7 和 8。由表 7 可知: $m=34.25$, $d_a=4.41$, $d_b=4.41$, $[d]=3.5$, $[h]=7.94$, 由表 8 可知: 主根长的主基因遗传率较小, 为 19.15%, 多基因遗传率中等, 为 51.88%。

和作物作用方式等自然条件有关, 还与品种的遗传背景有关。在特定的环境条件下, 大豆耐旱性一系列生理生化反应中某个环节可能起主导作用, 在利用分离群体结合统计分析方法分析时, 可能出现主基因效应的现象。另外, 分离群体的稳定性与群体大小也影响耐旱性遗传机制的检测, 群体分离不彻底以及群体较小, 使得检测结果具有一定的局限性, 难以检测到多基因效应。针对大豆耐旱性研究的复杂性, 今后研究应该采用分离稳定、家系较大、可重复实验的群体进行分析, 以提高精确度, 减少实验误差, 以便深入研究大豆耐旱性的遗传规律, 并可在不同环境、不同地点、不同干旱胁迫条件下重复检验耐旱性的遗传规律。在研究过程中也应该集中在一些

对耐旱性影响较大的一些性状, 或者把耐旱这一复杂性状分解成多个单一的遗传成分, 象对单基因性状那样研究这些性状, 各个击破, 以便最终找到与耐旱关系最密切的原初性状。因此, 大豆耐旱性研究还有待进一步的深入研究。

参 考 文 献

1 Ekanayake I J, O Toole J C, Garrity D P, et al. Inheritance of root characters and their relations to drought resistance in rice [J]. Crop Sci., 1985, 25: 927—933

2 Moncada P, Martinez C P, Borrero J, et al. Quantitative trait loci for yield and yield components in an *Oryza sativa*×*Oryza rufipogon* BC₂F₂ population evaluated in an upland environment[J].

TAG, 2001, 102: 41~52

3 Pantalone V R, Burton J W, Carter T E. Soybean fibrous root heritability and genotypic correlations with agronomic and seed quality traits[J]. Crop Sci., 1996, 36: 1120—1125

4 Pantalone V R, Rebetzke G J, Burton J W, et al. Phenotypic evaluation of root traits in soybean and applicability to plant breeding[J]. Crop Sci., 1996, 36: 456—459.

5 Mansur L M, Orf J H, Chase K, et al. Genetic mapping of agronomic traits using recombinant inbred lines of soybean[J]. Crop Sci., 1996, 36: 1327—1336

6 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, 2001

7 王健康, 盖钧镒. 利用 F₂ 世代鉴定数量性状主基因—多基因混合遗传模型并估计遗传效应[J]. 遗传学报, 1997, 24(5): 532—440

INHERITANCE OF DROUGHT TOLERANCE AND ROOT TRAITS OF SEEDLING IN SOYBEANS

Yang Shouping^{* *} Chen Jiamin He Xiaohong Yu Deyue Gai Junyi^{* *}

(*Soybean Research Institute of Nanjing Agricultural University, National Center for Soybean Improvement, State Key Laboratory of Crop Genetics and Germplasm Enhancement, Nanjing 210095*)

Abstract The genetic basis of drought tolerance, full root length, dry root weight and main root length of soybean seedling under the condition of water deficit were analyzed jointly by the P₁, P₂, F₁ and F₂ generations derived from the cross (Ninghaiwanhuangdou x Jindou19), and mixed major genes and polygene inheritance models of quantitative traits of joint segregation analysis of P₁, P₂, F₁ and F₂ were employed. The results showed that the inheritance of drought tolerance, full root length, dry root weight and main root length were controlled by two major genes and polygene. The two major genes showed dominant and additive and epistatic, full dominant, equal dominant, and equal additive respectively. The heritability value of major genes was 12.16%, 45.26%, 16.95% and 19.15%, and the heritability value of polygene was 83.54%, 44.55%, 72.20% and 51.88% respectively.

Key words Soybean; Seedling; Drought tolerance; Root trait; Inheritance