

# 大豆根系性状和磷效率的遗传规律研究<sup>\*</sup>

袁清华<sup>1</sup> 年海<sup>1</sup> 陈达刚<sup>1</sup> 廖红<sup>2</sup> 严小龙<sup>2</sup>

(1. 华南农业大学农学院; 2. 华南农业大学根系生物学中心, 广州 510642)

**摘要** 选用两个磷效率差异明显的大豆品种, 在营养液(磷浓度为 0, 50  $\mu\text{M}$   $\text{KH}_2\text{PO}_4$ )和田间(土壤有效磷含量 26 mg/kg)进行根系性状的遗传研究。结果表明:两个基因型的根系性状存在显著差异,  $F_1$  代的总根长和磷效率都表现出明显的超亲优势, 其超亲优势率分别为 68% 和 56%; 这些性状  $F_2$  代的为连续变异, 表现出多基因控制的特征, 且都存在明显的超亲分离个体。遗传模型分析结果表明, 这些性状一般都为两对主基因加多个微效基因控制, 而且除根平均直径外(水培中无主基因存在), 总根长和根体积的遗传模型在大田和短期营养液条件下基本一致。产量及生物产量与总根长、总表面积、平均直径、根体积和磷效率都呈极显著正相关, 表明通过这两个性状也可以对根系和磷效率进行间接选择。大田试验各根系性状和磷吸收效率的遗传力都较高, 因此在育种过程中对这些性状进行早代选择是可行的。

**关键词** 大豆; 低磷土壤; 根系性状; 遗传分析

中图分类号 S 565.101 文献标识码 A 文章编号 1000-9841(2006)02-0158-06

我国南方土壤大部分为酸性红壤, 土壤有效磷含量低, 施用磷肥当季利用率仅 15% 左右, 包括后效也不超过 25%<sup>[1]</sup>, 因此, 土壤缺磷是限制南方大豆(*Glycine max* (L.) Merr)生产的主要因素。尽管植物耐低磷方面的基因型差异早已引起人们的注意, 并对一些生理机制进行了研究, 但有关耐低磷的遗传研究近 10 年来才陆续开展<sup>[2]</sup>。一些研究表明, 植物耐低磷的遗传比较复杂, 分离后代一般表现为连续变异, 具有数量性状遗传的特点, 在基因作用方式上磷效率的表现更为复杂, 因此, 很难直接对磷高效性状进行选择。植物主要靠根系吸收磷, 而磷在土壤中较难移动, 因此根系性状与品种的耐低磷能力有一定的相关性。目前, 对大豆根系性状与耐低磷的研究很少<sup>[3, 4]</sup>。现阶段大豆育种工作过程中, 由于根系研究信息缺乏, 往往只是从地上部性状的发育状况进行选择, 这在很大程度上影响了育种工作的成效。因此, 深入研究大豆品种的根部性状的发育特性及遗传特点, 研究其与地上部各性状发育及遗传的相关关系, 在育种过程中同时对地上部和地下部进行选择, 更有利于选出磷高效、综合性状良好的品种。

## 1 材料与方法

本研究采用两个来源不同、磷效率差异明显的品种巴西 10 号(BX10,  $P_1$ , 磷高效品种)和本地 2 号(BD2,  $P_2$ , 磷低效品种)作为亲本进行杂交, 研究与磷效率有关的根系性状的遗传规律。

### 1.1 亲本营养液栽培试验

营养液栽培试验在华南农业大学无土栽培实验室网室内进行, 所用营养液配方为 1/2 Hoagland 营养液。豆苗种子容量为 30 L 的灰色塑料箱中, 每箱 24 个定植孔。箱内两亲本品种随机分布, 设 0、50、100、200  $\mu\text{M}$   $\text{KH}_2\text{PO}_4$  4 个磷水平处理, 3 次重复, 每重复 1 箱。6d 后收获苗期样品。通过根系扫描系统计算机图象分析软件 WinRhizo(Regent Ins Inc, Canada)分析得出总根长、总根表面积、总根体积、根平均直径。

### 1.2 遗传试验

#### 1.2.1 营养液栽培试验

\* 收稿日期: 2005-09-09

基金项目: 本研究由美国麦氏基金会(McKnight Foundation)资助

作者简介: 袁清华(1978-), 女, 在读博士生, 研究方向大豆重要性状的遗传育种。

通讯作者: 年海, 教授, nianhai@hotmail.com

用与亲本试验同样的方法在营养液中进行与磷效率有关的根系参数的遗传规律的研究。采用了 0  $\mu\text{M}$  和 50  $\mu\text{M}$  两个处理。同样在华南农业大学无土栽培实验室网室内进行。种植容器为水泥槽, 每个槽同时种植 P<sub>1</sub>、P<sub>2</sub>、F<sub>1</sub>、F<sub>2</sub>, 亲本设三重复。最后每处理亲本收集 9 株作为样本、F<sub>1</sub> 样本容量 9 单株和 F<sub>2</sub> 群体样本容量 140 单株。

1. 2. 2 田间试验

试验在华南农大根系生物学中心博罗试验站进行, 土壤为赤红壤, 土壤理化性质见文献<sup>[5]</sup>。试验分 10 个小区, 小区内各群体随机分布, 每小区同时种植 P<sub>1</sub>、P<sub>2</sub>、F<sub>1</sub>、F<sub>2</sub>。行距为 0. 3 m, 株距 0. 2 m。亲本样本容量 20 株、F<sub>1</sub> 样本容量 30 单株和 F<sub>2</sub> 群体样本容量 204 单株, 100 天后开始收获成熟植株, 植株地上部和地下部分别进行收获, 测量根生物量和单株产量, 含磷量, 总根长、总根表面积、总根体积、根平均直径。待测样品粉碎后用干灰化- 钼锑抗比色法测磷<sup>[6]</sup>。

磷吸收效率和磷含量是指整个植株( 不包括英粒) 的磷吸收效率和磷含量。

1. 3 统计分析

数据用 Microsoft Excel 进行计算, 以 SAS 软件(SAS Institute Inc., Cary, NC, USA) 进行统计分析及相关分析, 用数量性状遗传分离分析软件分析根部各性状及磷效率的遗传模型<sup>[7]</sup>。应用章元明等建立的遗传模型进行根系性状的遗传模型分析<sup>[8]</sup>, 其它遗传分析方法公式见潘家驹主编的作物育种学总论<sup>[9]</sup>。

广义遗传力:  $h_b^2 = [V_{F2} - 1/3(V_{P1} + V_{P2} + V_{F1})] / V_{F2} \times 100\%$

( $V_{F2} - F_2$  群体方差,  $V_{P1} - P_1$  群体方差,  $V_{P2} - P_2$  群体方差,  $V_{F1} - F_1$  群体方差);

超亲优势(%) =  $(F_1 - HP) / HP$ ;

中亲优势(%) =  $2[F_1 - (P_1 + P_2) / 2] / (P_1 + P_2)$ ;  
( 公式中 P<sub>1</sub>、P<sub>2</sub>、F<sub>1</sub>、F<sub>2</sub> 分别代表亲本和后代的总根长、根表面积、根平均直径、根体积、磷吸收效率等参数) 磷含量(mg) = 磷浓度(mg/g)  $\times$  干物重(g);  
磷吸收效率(mg/株) = 磷浓度(mg/g)  $\times$  植株干物重(g/株)。

2 结果与分析

2. 1 亲本根部性状差异分析

综观四个根部性状形态参数在水培条件下的变化规律可以看出, 在磷浓度为 0  $\mu\text{M}$  ~ 200  $\mu\text{M}$  范围内, 低磷可诱导根系生长, 而根平均直径受磷浓度影响较小( 表 1)。两个亲本( 巴西 10 号和本地 2 号) 都具有大致相同的变化规律, 在 0  $\mu\text{M}$  磷营养液中的四个参数与其他浓度都有显著差异, 这可能是根部对低磷处理的适应性反应。另一方面, 巴西 10 号的根表面积( 除 200  $\mu\text{M}$ )、根平均直径、根体积三个根形态参数在不同磷浓度处理下都显著高于本地 2 号, 这些性状可能与巴西 10 号的耐低磷能力有关。根据不同磷处理试验结果, 50  $\mu\text{M}$  磷处理基本上可以满足大豆幼苗的生长需要, 所以在遗传分析试验中我们采用了 0  $\mu\text{M}$  和 50  $\mu\text{M}$  两个处理。

表 1 不同磷水平下各根系性状  
Table 1 Root traits at various P levels

性状 Traits	亲本 Parents	磷水平 ( $\mu\text{M}$ ) P levels ( $\mu\text{M}$ )			
		0	50	100	200
总根长( cm )	B $\times$ 10	546. 89 $\pm$ 10. 11a	459. 09 $\pm$ 19. 71b	421. 02 $\pm$ 7. 84bc	381. 31d $\pm$ 7. 53c
Total root length( cm )	BD2	597. 29 $\pm$ 14. 32a	459. 29 $\pm$ 11. 04b	379. 01 $\pm$ 10. 83c	395. 86 $\pm$ 18. 48c
平均根表面积( $\text{cm}^2$ )	B $\times$ 10	68. 39 $\pm$ 1. 53a	59. 39 $\pm$ 3. 55b	53. 18 $\pm$ 2. 22bc	47. 64 $\pm$ 1. 81c
Average of root surface( $\text{cm}^2$ )	BD2	61. 39 $\pm$ 0. 58a	48. 87 $\pm$ 1. 51b	40. 92 $\pm$ 0. 89b	41. 79 $\pm$ 0. 68c
根平均直径( mm )	B $\times$ 10	0. 40 $\pm$ 0. 01a	0. 41 $\pm$ 0. 01a	0. 40 $\pm$ 0. 01a	0. 40 $\pm$ 0. 01a
Root average diameter( mm )	BD2	0. 33 $\pm$ 0. 00a	0. 34 $\pm$ 0. 00a	0. 34 $\pm$ 0. 00a	0. 34 $\pm$ 0. 00a
根体积( $\text{cm}^3$ )	B $\times$ 10	0. 68 $\pm$ 0. 03a	0. 61 $\pm$ 0. 05ab	0. 54 $\pm$ 0. 04bc	0. 48 $\pm$ 0. 03c
Root volume( $\text{cm}^3$ )	BD2	0. 50 $\pm$ 0. 01a	0. 42 $\pm$ 0. 02 b	0. 35 $\pm$ 0. 15b	0. 35 $\pm$ 0. 02b

注: 本表对同一品种在不同浓度下的进行多重比较( $\alpha = 0. 05$ ), 数据结构为平均数  $\pm$  标准误, 样本容量  $n = 6$ 。其中 BX10 为巴西 10 号; BD2 为本地 2 号。

Note: Multiple comparisons were used to analy sis the same variety in different phosphorus levels( $\alpha = 0. 05$ ); data was means  $\pm$  stv., popu lation size;  $n = 6$ ; BX10 and BD2 stood for the parental cultivars P1 and the P2, respectively.

2.2 各根系性状的遗传分析

2.2.1 总根长的遗传分析

本研究以 B×10 号和 BD2 号为亲本配制杂交组合,利用亲本、F<sub>1</sub>、F<sub>2</sub> 群体对亲本具有显著差异的主要根部性状(总根长、根表面积、根平均直径、根体积)的遗传机制进行了研究。结果表明,这些性状表

现为多基因控制的性状,F<sub>2</sub> 代群体呈非正态或正态的连续分布,且都有明显的正向超亲分离。这些性状一般都为两对主基因加多个微效基因控制,而且除根直径外(水培中无主基因存在),根长和根体积的遗传模型大田试验结果与水培短期试验结果一致。F<sub>2</sub> 各性状群体分布如图 1~10:

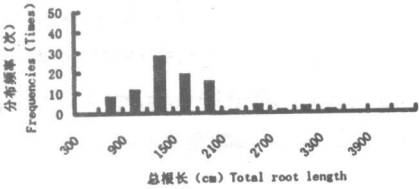


图 1 大田遗传试验 F<sub>2</sub> 代总根长分布  
Fig.1 Distribution map of F<sub>2</sub> population of root total length in field condition

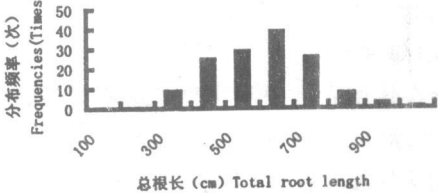


图 2 营养液栽培遗传试验 F<sub>2</sub> 代总根长分布(0 μM)  
Fig.2 Distribution map of F<sub>2</sub> population of root total length in solution culture(0μM)

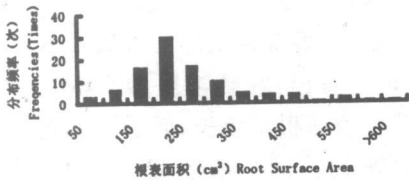


图 3 大田遗传试验 F<sub>2</sub> 代根表面积分布  
Fig.3 Distribution map of F<sub>2</sub> population of root surface area in field condition

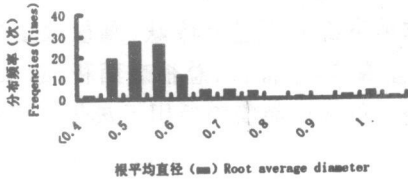


图 4 大田遗传试验 F<sub>2</sub> 代平均直径分布  
Fig.4 Distribution map of F<sub>2</sub> population of root average diameter in field condition

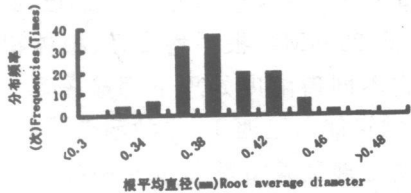


图 5 营养液栽培遗传试验 F<sub>2</sub> 代根平均直径分布(0μM)  
Fig.5 Distribution map of F<sub>2</sub> population of root average diameter in solution culture(0μM)

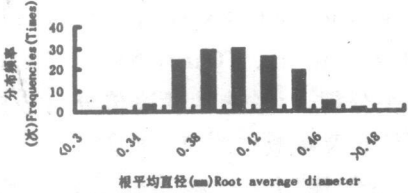


图 6 营养液栽培遗传试验 F<sub>2</sub> 代平均直径分布(50μM)  
Fig.6 Distribution map of F<sub>2</sub> population of root average diameter in solution culture(50μM)

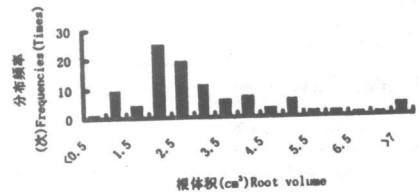


图 7 大田遗传试验 F<sub>2</sub> 代根体积分布  
Fig.7 Distribution map of F<sub>2</sub> population of root volume in field condition

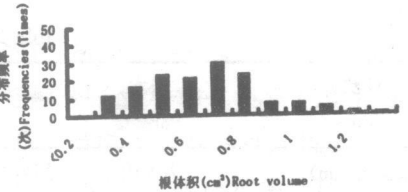


图 8 营养液栽培遗传试验 F<sub>2</sub> 代根体积分布(0μM)  
Fig.8 Distribution map of F<sub>2</sub> population of root volume in solution culture (0μM)

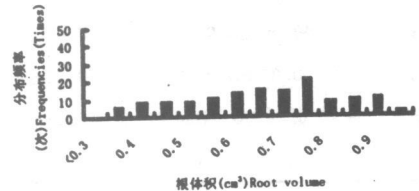


图 9 营养液栽培遗传试验 F<sub>2</sub> 代根体积分布(50μM)  
Fig.9 Distribution map of F<sub>2</sub> population of root volume in solution culture(50μM)

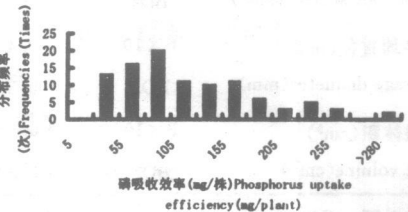


图 10 大田遗传试验 F<sub>2</sub> 代磷吸收效率分布  
Fig.10 Distribution map of F<sub>2</sub> population of phosphorus uptake efficiency in field condition

从以上结果看来, 总根长在不同环境中所表现出来的遗传模式虽然并不完全一致, 但都是由两对主基因+ 多基因控制的模式。田间条件的根平均直径的遗传主要受主基因控制, 而根在营养液中生长时, 分离群体表现为受多基因控制, 根平均直径有两对主基因被检验出来, 表现为两对加性 – 显性 – 上位性主基因+ 加性 – 显性多基因混合遗传模型。然而在水培0 $\mu$ M 磷条件下, 平均直径则表现为无主

表 2 各性状遗传分析结果  
Table 2 Genetic analysis of the traits

性状 Traits	环境 Environments	杂种优势 Heterosis( %)	h <sub>B</sub> <sup>2</sup> ( %)	遗传模型 Genetic models
总根长( cm) Total root length( cm)	大田 Field	超亲优势 68%	56	两对加性 – 显性 – 上位性主基因+ 加性 – 显性 – 上位性多基因模型
	P= 0 $\mu$ M	中亲优势 5%	85	两对加性 – 显性 – 上位性主基因+ 加性 – 显性多基因混合遗传模型
根表面积( cm <sup>2</sup> ) Root surface area( cm <sup>2</sup> )	大田 Field	超亲优势 25%	71	两对加性 – 显性 – 上位性主基因+ 加性 – 显性 – 上位性多基因模型
根平均直径( mm) Root average diameter( mm)	大田 Field	无杂种优势	48	两对加性 – 显性 – 上位性主基因+ 加性 – 显性多基因混合遗传模型
	P= 0 $\mu$ M	中亲优势 8%	1	加性 – 显性 – 上位性多基因模型
	P= 50 $\mu$ M	无杂种优势	4	两对等加性主基因+ 加性 – 显性多基因模型
根体积( cm <sup>3</sup> ) Root volume ( cm <sup>3</sup> )	大田 Field	中亲优势 63%	64	两对完全显性主基因+ 加性 – 显性多基因模型
	P= 0 $\mu$ M	超亲优势 19%	78	两对加性 – 显性 – 上位性主基因+ 加性 – 显性多基因混合遗传模型
	P= 50 $\mu$ M	超亲优势 6%	54	两对加性主基因+ 加性 – 显性多基因模型
磷吸收效率( mg /株) Phosphorus uptake efficiency ( mg /plant)	大田 Field	超亲优势 56%	53	两对加性主基因+ 加性 – 显性多基因模型

基因存在而由加性 – 显性 – 上位性多基因控制的遗传模型。但是, 在 50 $\mu$ M 磷处理时, 这一性状却表现为 E\_4 模型(表 2)。根平均直径遗传分析结果说明磷营养增加, 可能诱导出控制根平均直径的主基因

表 3 大田试验 F<sub>2</sub> 代各性状相关分析表

Table 3 Correlation analysis for the traits in field condition

	根磷浓度 P. c. r.	地上部磷 浓度 P. c. s.	总根长 T. r. l.	根表面积 R. s. a.	平均直径 R. a. d.	根体积 R. v.	产量 Yield	根干重 D. w. r.	地上部干重 D. w. s.	磷吸收 效率 P. u. e.
根磷浓度 P. c. r.	1. 000	0. 598 * *	0. 074	0. 084	0. 036	0. 084	- 0. 202 *	- 0. 090	0. 323 * *	0. 532 *
地上部磷浓度 P. c. s.		1. 000	0. 186	0. 169	0. 109	0. 133	- 0. 243 *	- 0. 064	0. 261 * *	0. 653 * *
总根长 T. r. l.			1. 000	0. 964 * *	0. 613 * *	0. 849 * *	0. 443 *	0. 375 * *	0. 566 * *	0. 564 * *
根表面积 R. s. a.				1. 000	0. 717 * *	0. 958 * *	0. 546 * *	0. 383 * *	0. 651 * *	0. 605 *
平均直径 R. a. d.					1. 000	0. 770 * *	0. 469 * *	0. 449 * *	0. 546 * *	0. 508 * *
根体积 R. v.						1. 000	0. 614 * *	0. 365 * *	0. 688 * *	0. 597 * *
产量 Yield							1. 000	0. 342 * *	0. 585 * *	0. 285 * *
根干重 D. w. r.								1. 000	0. 220 *	0. 255 *
地上部干重 D. w. s.									1. 000	0. 856 * *
磷吸收效率 P. u. e.										1. 000

注: 表中缩写 P. c. r. 为根磷浓度, P. c. s. 为地上部磷浓度, P. c. p. 为植株磷效率, T. r. l. 为总根长, R. s. a. 为总表面积, R. a. d. 为平均直径, R. v. 为根体积, D. w. r. 为根干重, D. w. s. 为地上部干重, D. w. p 为植株干重, P. u. e. 为磷吸收效率。样本容量 N = 100, “ \* ” 0. 01< P< 0. 05 为显著水平; “ \* \* ” P< 0. 01 为极显著水平。  
Note: P. c. r. ( P concentration of the root), P. c. s ( P concentration of shoot), P. c. p.( P concentration of plant), T. r. l. ( total root length), R. s. a.( root surface area), R. a. d. (root average diameter), R. v. (root Volume), D. w. r. (dry weight of root), D. w. s( dry weight of shoot), D. w. p( dry weight of plant), P. u. e. (phosphorus uptake efficiency). In this table the sample size was 100, and “ \* ” stood for 0. 01< P< 0. 05; “ \* \* ” P< 0. 01.

表达。根体积与总根长分布规律一致。根体积的分离群体表现型分布出现多峰,但正态性检验结果却显示为正态分布,有可能这一正态分布为多峰拟合的正态分布,若是如此,则根体积在水培无磷条件下的遗传表现为多个主基因控制。不管在何种试验环境中,根体积的亲本、F<sub>1</sub>代、F<sub>2</sub>代联合分离分析都显示出它的遗传是由两对主基因加多基因控制。主基因的遗传效应通过表现型值检验出的根体积在三种实验环境中表现出来的主基因的数目没有变化,但主基因的遗传效应却有差异,其中在大田试验中为完全显性效应。磷吸收效率在大田试验的遗传模型也是两对主基因加多基因的遗传模型。

3.3 各性状的相关分析

相关分析结果(表3)表明,大田试验中地上部磷浓度和根部磷浓度与地上部干重、磷吸收效率都呈

极显著正相关,但二者与单株产量都呈显著负相关,而与主要根系性状都无显著相关。总根长、总表面积、平均直径、根体积之间都呈极显著正相关,这些根部性状与单株产量、根干重、地上部干重及磷效率都呈极显著正相关,说明可以根据地上性状的表现对根系性状和磷效率进行间接选择。如表4和表5所示,水培0 μM 磷浓度条件下,除根直径,根长、根表面积、根体积与磷浓度呈显著负相关关系,而磷浓度与干物重也是呈负相关关系,与磷效率呈极显著正相关。50 μM 磷浓度时,磷浓度与根系各性状无显著相关。总根长、总表面积、根体积之间都呈极显著正相关,这与土壤栽培的结果相同。而在50 μM 根平均直径与总根长呈极显著负相关,与总表面积和根体积都无显著相关关系,这说明在低磷和高磷情况下根系的相关关系也发生了变化。

表4 营养液栽培试验 F<sub>2</sub> 代各性状相关分析表(0 μM)

Table 4 Correlation analysis for the traits of F<sub>2</sub> progenies in hydroponics culture(0 μM)

	植株磷浓度 P. c. p.	总根长 T. r. l.	总表面积 R. s. a.	平均直径 R. a. d.	根体积 R. v.	植株干重 D. w. p.	磷吸收效率 P. u. e.
植株磷浓度 P. c. p.	1.000	-0.169 *	-0.184 *	-0.142	-0.188 *	-0.410 * *	0.260 * *
总根长 T. r. l.		1.000	0.967 * *	0.196 *	0.889 * *	0.721 * *	0.616 * *
总表面积 R. s. a.			1.000	0.429 * *	0.976 * *	0.722 * *	0.612 * *
平均直径 R. a. d.				1.000	0.603 * *	0.243 * *	0.178 *
根体积 R. v.					1.000	0.681 * *	0.573 * *
植株干重 D. w. p.						1.000	0.762 * *
磷吸收效率 P. u. e.							1.000

表5 营养液栽培试验 F<sub>2</sub> 代各性状相关分析表(50 μM)

Table 5 Correlation analysis for the traits of F<sub>2</sub> progenies in hydroponics culture(50 μM)

植株磷浓度 P. c. p.	总根长 T. r. l.	总表面积 R. s. a.	平均直径 R. a. d.	根体积 R. v.	植株干重 D. w. p.	磷吸收效率 P. u. e.	
植株磷浓度 P. c. p.	1. 000	0. 028	0. 091	0. 181 *	0. 139	− 0. 144	0. 377 * *
总根长 T. r. l.		1. 000	0. 943 * *	− 0. 230 * *	0. 796 * *	0. 773 * *	0. 712 * *
总表面积 R. s. a.			1. 000	0. 093	0. 951 * *	0. 769 * *	0. 741 * *
平均直径 R. a. d.				1. 000	0. 385 * *	− 0. 075	0. 026
根体积 R. v.					1. 000	0. 689 * *	0. 695 * *
植株干重 D. w. p.						1. 000	0. 853 * *
磷吸收效率 P. u. e.							1. 000

4 讨论

Armenta-Soto 等研究了水稻根长和数量的遗传规律<sup>[10]</sup>,结果表明二者主要是由一个亲本的显性等位基因控制。对大麦的根系遗传发现,根总长度

的广义遗传力为72%,不定根长度的广义遗传力为51%~75%<sup>[11]</sup>。本研究以巴西10号和本地2号为亲本配制杂交组合,利用亲本、F<sub>1</sub>、F<sub>2</sub>群体对主要根部性状(总根长、根表面积、根平均直径、根体积)的遗传机制进行了研究。结果表明,这些性状表现为多基因控制的性状,F<sub>2</sub>代群体呈非正态或正态的连

续分布,且都有明显的正向超亲分离。这些性状一般都为两对主基因加多个微效基因控制,而且除根直径外(水培中无主基因存在),根长和根体积的遗传模型大田试验结果与水培短期试验结果一致,表明可以利用水培短期试验进行这些性状的遗传分析。此外,大田试验各根系性状和磷吸收效率的遗传力都较高,因此在育种过程中对这些性状进行早代选择是可行的。本试验利用  $F_2$  分离群体分别在田间和营养液栽培条件下进行了各性状的相关分析。田间试验结果表明,大豆主要根系性状与大豆单株产量、根干重和地上部干重都呈显著或极显著正相关;在营养液栽培条件下,  $0\mu\text{M}$  磷处理和  $50\mu\text{M}$  磷处理的根部性状间的相关关系存在明显不同。在  $0\mu\text{M}$  磷处理条件下,总根长、总表面积、平均直径、根体积之间都呈正相关,这与田间试验结果相同。因此可以利用地上部相关性状对根部性状进行间接选择。

本研究只是初步探讨了两个不同耐低磷的对照基因型在短期营养液栽培条件下以及田间条件下大豆根系性状的差异及其遗传规律,并对这些性状与磷效率的关系进行了分析。由于磷效率的遗传控制系统是一个多基因综合作用的结果,各性状的具体作用机制并不是很清楚,因此,根系虽然是吸收磷的主要途径,与磷效率密切相关,但是根系生长如何与环境互动,从而提高磷效率目前还不太清楚,这还有待于进一步在根构型、根分泌物以及与其他形态的关系方面做深入的研究<sup>[12~14]</sup>。

## 参 考 文 献:

- 1 李生秀. 植物营养与肥料学科的现状与展望[J]. 植物营养与肥料学报, 1999. 5(3): 193–205.
- 2 严小龙, 张福锁著. 植物营养遗传学[M]. 北京: 中国农业出版社, 1997. 45–51.
- 3 邱瑞彬, 廖红, 严小龙. 大豆田间氮磷互作及其与根形态和根瘤性状遗传特性的关系[J]. 植物学报, 2005. 47(5): 549–559.
- 4 Lide Wang, Hong Liao, Xiaolong Yan. Genetic variability for root hair traits as related to phosphorus status in soybean[J]. Plant and Soil. 2004. 261(3): 77–84.
- 5 徐青萍, 罗超云, 廖红, 等. 大豆不同品种对磷胁迫反应的研究[J]. 大豆科学. 2003. 22(2): 108–1.
- 6 鲁如坤. 土壤农业化学分析方法[M]. 北京: 中国农业出版社, 1986. 306–314.
- 7 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, 2003. P164–168.
- 8 章元明, 盖钧镒, 张孟臣. 利用  $P_1F_1P_2$  和  $F_2$  或  $F_{2,3}$  世代联合的数量性状分离分析[J]. 西南农业大学学报, 2000. 22(1): 6–9.
- 9 潘家驹主编. 作物育种学总论[M]. 北京: 农业出版社, 1994. 83–86.
- 10 A menta S J, Chang T T, Loresto G Et al. Genetic analysis of root characters and their relations to drought resistance in rice[J]. Crop Sci. 1985. 25: 927.
- 11 张福锁主编. 环境胁迫与植物育种[M]. 北京: 北京农业大学出版社, 1993. 97.
- 12 严小龙, 廖红. 植物根构型特性与磷吸收效率[J]. 植物学通报, 2000. 17(6): 511–519.
- 13 Nian H, Ahn S J, Yang Z M, Matsumoto H. Effect of phosphorus deficiency on aluminum induced citrate exudation in soybean (*Glycine max* L. Merr.)[J]. Physiol. Plant. 2003. 117: 229–236.
- 14 Mitchell R L, Russel W J. Root development and rooting patens of soybeans *Glycine max* (L) Merrill evaluated under field conditions[J]. Agron. J. 1971. 63: 313–316.

## GENETIC ANALYSIS OF ROOT CHARACTRS AND THEIR RELATION TO PHOSPHORUS EFFLICIENCY IN SOYBEAN

Yuan Qinghua Nian Hai Chen Dagang Liao Hong Yan Xiaolong

(Department of Plant Breeding, College of Agronomy, South China Agricultural University, Guangzhou 510642)

**Abstract** In this study, two contrasting soybean genotypes BD2 and BX10 from Guangdong and Brazil were used and a cross between them was made to produce  $F_1$ ,  $F_2$  progenies. The inheritance of soybean root traits and relationship between the root and other traits were investigate by the experiments of nutrient solution and soil cultivation.

The results showed that there were significant differences in most root traits between the two genotypes. Both of the total root length and P efficiency of  $F_1$  showed significant over parent heterosis and the value was 68% and 56% respectively. The distribution of these traits in  $F_2$  were all (下转第 173 页)

13 汤一卒. 作物栽培学[ M] . 南京: 南京大学出版社, 2000. 5: 182 – 185

14 朱军. 遗传学[ M] . 北京: 中国农业出版社, 2004. 316 – 324

EFFECTS OF NP COMBINATIONS ON YIELD AND QUALITY OF HIGH – PROTEIN SOYBEAN

Chen Jinkun<sup>1</sup> Sun Zhengguo<sup>1</sup> Xu Xiuyin<sup>1</sup> Wu Rongshi<sup>2</sup>

(1. Nanton Agricutrual Vocation College, Nantong 226007; 2. Rugao Grain and Cotton Foundation Sæd Farm)

**Abstract** A soybean cultivar Nannong 88 – 31 was used to carry out a fertilizing experiment of different NP proportions, and to study the adjusting effects of NP proportion on soybean yield and protein content. It proves that NP prorotions have effects on grain yield and grain protein yield of soybean. The optimum NP proportion for soybean seed yield and protein content of Nannong 88 – 31 is N150kg/hm<sup>2</sup> to P<sub>2</sub>O<sub>5</sub> 75kg/hm<sup>2</sup>; NP proportion may adjust soybean leaf size and accumulation of dry substance. But the effect mainly attribute to nitrogenous fertilizer. The increase of soybean’s leaf size and accumulation of dry substance is in accordance with the amount of nitrogenous fertilizer. The adjusting effect of NP proportions on protein content of soybean seed is not obvious.

**Key words** Soybean; NP combinations; Yield; Protein

( 上接第 163 页)

continuous and seemed to controlled by multi genes. Moreover, over parent segregates were observed for the traits. Further study indicated that most of the traits were controlled by two pair of major genes together with other multi genes. Except average root diameter ( absent of major gene in solution culture), the genetic model of the total root length, surface area and volume in soil cultivation were coincident with those in solution culture. Correlation analysis reveals that indirect are possible for root traits and P effciency due to positive correlation between root traits and yield and biomass. Furthermore, because the heritabilities of most root traits is high in soil cultivation so it is feasible to carry out progeny selection in breeding programs.

**Key words** Soybean; Low phosphorus soil; Root traits; Genetic analysis