

广谱抗源科丰1号对大豆花叶病毒强毒株系群SC—8抗性的遗传研究^{*}

王修强 盖钧镒^{* *} 喻德跃

(南京农业大学大豆研究所, 国家大豆改良中心, 作物遗传与种质改良国家重点实验室 南京 210095)

摘要 以杂交组合科丰1号×1138—2为材料, 从其P₁、P₂、F_{2:3}、以及由F₂衍生的206个重组自交系的抗性鉴定结果表明: 广谱抗源科丰1号对新发现的大豆花叶病毒SC—8强毒株系群的抗性受单个显性基因控制, 从而扩展了对科丰1号这一广谱性抗SMV材料抗性遗传的研究结果。

关键词 大豆花叶病毒; 强毒株系; 抗性遗传

中图分类号 S 432.4⁺3 文献标识码 A 文章编号 1000—9841(2003)03—0190—03

大豆花叶病毒(SMV)是大豆产区的主要病害之一, 严重威胁大豆生产。从60年代开始各国学者^[1-9]就对SMV的抗性遗传做了大量研究, 但研究结果并不一致, 多数研究者认为所用的抗源亲本对所接种的病毒株系表现为单显性基因遗传, 也有人^[8,10,11]发现一些大豆品种的抗性是两对互补显性基因或由一至两对独立的隐性基因控制的遗传类型。南京农业大学大豆研究所^[1-3], 先后证实和发现了单个显性基因位点控制对一个SMV株系抗性的遗传模式以及四个不同的抗性基因Ra、Rc、Rg、Rh的连锁遗传关系。美国Virginia的Chen等(1994)^[12]则认为抗性由2对基因控制。究其原因, 南京和Virginia在抗感归属的方法上不同, 南京将上位叶枯斑归为感病, 而Virginia将上位叶枯斑先归为抗病, 后又单独再归1类枯斑反应。胡蕴珠等^[15](1992)发现科丰1号对Sa、Sc、Sg、Sh、N₁、N₃等多个SMV株系具有优良抗性。王修强等^[18](2000)发现黄淮和长江中下游地区SMV株系群体已有改变, 鉴定出SC—1~SC—8等8个SMV新株系, 其中SC—8为强毒株系。本研究旨在通过抗感亲本间杂交组合后代的遗传分析, 明确广谱抗源科丰1号对新分离鉴定的强毒株系SC—8的抗性遗传模式。为进一步利用这一抗源进行大豆抗病育种和基因作图以及有关抗病基因分离和克隆提供依据。

1 材料和方法

1.1 试验材料

供试材料: 科丰1号(抗, P₁)×南农1138—2(感, P₂)杂交组合的P₁、P₂、F_{2:3}、以及由F₂衍生的206个重组自交系的群体NJRIKY RIL。

病毒株系: 大豆花叶病毒SC—8株系群。

以上均由南京农业大学大豆研究所提供。

1.2 试验方法

1.2.1 病毒繁殖与抗性接种鉴定

在防虫网室内将SC—8株系在其感病材料Kwangy yo上大量繁殖。在网室内种植亲本P₁、P₂, 杂交后代F_{2:3}和NJRIKY的F_{7:10}的206个RIL家系。当供试豆苗第一对真叶完全展开时, 按常规摩擦接种, 5天后在第一对复叶上重复接种, 接种后均用清水冲洗。病毒汁液的准备: 取毒源病株上(接种20天左右)具有典型症状的病叶, 加入pH7.0的0.01M磷酸缓冲液, 其比例为1g鲜叶加3—5ml缓冲液, 在研钵中匀浆, 再加适量600目金刚砂。第一次接种后10~14天观察症状, 标准为检查新生叶是否表现系统花叶症状(SC—8在感病亲本南农1138—2上的症状为系统花叶), 并挂牌标记出现症状的植株, 以防后来隐症的影响。一周后核对结果。对于可疑的无症状植株除进行多次重复接种外, 并取

* 收稿日期: 2002—12—19

项目来源: 国家973项目(G19980102106)和国家863项目(101—02—02—03)

作者简介: 王修强(1973—), 男, 硕士, 中国科学院南京地质古生物所博士生。

其新生叶标记后于冰箱保存,待日后集中进行 SMV 抗血清的 DAS-ELISA 检测,以确定 SMV 病毒的存在与否,确保鉴定结果的准确性。

1.2.2 大豆对 SMV 抗性反应的抗病与感病采用相对属性划分标准

参照濮祖芹等^[1, 3, 4, 14]所采用的方法。凡接种后不发病或只在接种叶上有局部枯斑出现而上位叶无症者,为抗病;凡接种后出现系统花叶或系统坏死症状者,均属感病类型。这一标准,经与 Virginia 研究人员讨论双方仍坚持自己的标准,我们认为上位叶出现枯斑是病毒随植株生长上行导致发病的结果应为感病;对方认为枯斑中病毒颗粒少,限制了病毒的扩展,既不属抗病也不属感病应单独列出。但我们认为上位枯斑中病毒虽少,但叶片组织已死亡,是叶绿组织死亡而导致病毒量少,应属感病。本实验中并不涉及枯斑症状,只有花叶症状,因而不影响

本研究的结果。

1.2.3 抗性遗传分析所采用的统计方法

χ^2 适合性测验:

$\chi^2 = \sum [(E_o - E)^2 / E]$ E 为理论值, E_o 为实际观察值。

当自由度 $df = 1$ 时,对 χ^2 进行连续性矫正,矫正后的 χ^2_c 为:

$\chi^2_c = \sum [(|E_o - E| - 0.5)^2 / E]$ E 为理论值, E_o 为实际观察值, 0.5 为矫正常数。

2 结果与分析

利用抗感杂交组合科丰 1 号 \times 1138-2 的 206 个 RIL 家系和 $F_{2,3}$ 的 355 个家系中随机抽取的 91 个家系分别接种 SMV 株系群 SC-8,进行抗病性遗传试验。结果见表 1。

表 1 科丰 1 号 \times 1138-2 分离后代对 SMV SC-8 的抗性鉴定结果

Table 1 Segregation analyses of resistance vs. susceptibility to SMV SC-8 in Kefeng No. 1 \times 1138-2

群体 Population	植株数或家系数 No. of plants or lines			期望比例 Expected ratio	χ^2	P
	R	R + S	S			
科丰 1 号 Kefeng No. 1	60		0			
1138-2	0		60			
NJRIKY	95		111	1: 1	1.0922	0.25 ~ 0.50
$F_{2,3}$ (Lines)	18	53	20	1: 2: 1	2.5604	0.10 ~ 0.25
F_3 ($F_{2,3}$ segregating lines)	520		183	3: 1	0.3456	0.50 ~ 0.75

表 1 所列结果表明:针对单一株系群 SC-8,科丰 1 号表现为抗病,而 1138-2 表现为感病。抗感重组自交系群体 206 个家系出现抗感家系 1:1 的分离比例,通过 χ^2 适合性测验初步证实了抗性材料科丰 1 号对 SMV 株系 SC-8 的抗性由一对基因控制。在 $F_{2,3}$ 家系抗病性鉴定试验中,表现出的纯合抗性家系:杂合抗性家系:纯合感病家系的比例为 1:2:1;通过 χ^2 适合性测验又进一步证实了在抗性材料科丰 1 号中单一位点(命为 R_{SC-8})控制着对单一 SMV 株系 SC-8 的抗性。由于缺少杂交组合科丰 1 号 \times 1138-2 的 F_1 和 F_2 代,所以不能直接确定其抗性基因的显隐性。

本研究中的供试 $F_{2,3}$ 家系是 F_2 单株的衍生家系,分离中的 F_3 家系说明其先代 F_2 植株是杂合的,因而,将这些分离中的 F_3 家系合在一起,将相当于一个 F_2 群体,应出现一定的抗感比例。表 1 中列出了本试验杂交组合科丰 1 号 \times 1138-2 的 53 个分离家系合并的结果。在调查的 703 株中,有 520 株抗病,183 株感病,按照抗感 3:1 的期望比例进行 χ^2 适

合性测验,结果与理论比率完全符合。因而,从 $F_{2,3}$ 家系世代所表现的遗传比率证实了抗性是显性,由一对显性基因控制抗性的遗传假设。

3 讨论

本研究结合前人对 Sa、Sc、Sg、Sh、 N_1 、 N_3 等多个 SMV 株系抗性遗传研究结果(张玉东等 1989、胡蕴珠等 1992、Gai 等 1989、张志永等 1996 和东方阳等 1999)^[2,15-17,19],可以认为抗源材料科丰 1 号对 SMV 单一株系群的抗性由一对显性基因控制是大豆对 SMV 株系抗性的基本遗传机制。这一结果进一步扩展了前人对科丰 1 号这一广谱性抗源抗性遗传的研究结果。许多遗传研究表明,大豆对 SMV 株系专化抗性为单个显性基因所控制^[1,3,6,19],但也有研究者报道由一个或几个隐性基因控制株系专化抗性的遗传结果。这一方面与前面所说的抗感鉴别标准有关,另方面由于抗源材料的遗传背景不同,对 SMV 株系专化抗性遗传规律可能有相对一致性,也

可能有其特异性,即便是同一份抗原材料,对不同的 SMV 株系的专化抗性,也可能会有不同的遗传方式。

以往已鉴定出科丰 1 号抗中国的 SMV 株系 Sa、Sc、Sg、Sh 和美国的 G₁~G₇、C₁₄ 等株系,本文又鉴定出科丰 1 号抗 SMV 新株系群 SC—8,而且由单个显性基因控制。这一抗性基因与 Rsa、Rsc、Rsg、Rsh、Rn1、Rn3 的等位性,以及它们在遗传图谱上的位置将有待于进一步研究。

参 考 文 献

- 胡蕴珠,盖钧镒,马育华,等.大豆对两个 SMV 株系抗性的遗传研究[J].南京农业大学学报,1985,(3):17—22.
- 张玉东,盖钧镒,马育华,等.大豆对两个大豆花叶病毒本地株系抗性的遗传研究[J].作物学报,1989,15(3):213—220.
- 严隽析,马育华.大豆花叶病抗性遗传的初步研究[J].大豆科学,1985,4(4):249—259.
- Bowers G. R., R. M. Goodman. New sources of resistance to seed transmission of soybean mosaic virus in soybeans[J]. Crop Sci. 22: 155—156.
- Buzzel R. I., J. C. Tu. Inheritance of soybean resistance to soybean mosaic virus[J]. The Journal of Heredity, 1984, 75(1): 82.
- Kiuh R. A. S., E. E. Hartwig. Inheritance of reaction to Soybean Mosaic Virus in soybeans[J]. Crop Science., 1979, 19(3): 372—375.
- Lim, S. M. Resistance to Soybean Mosaic Virus in soybean[J]. Phytopathology, 1982, 72: 943.
- Lim, S. M. Resistance to Soybean Mosaic Virus in soybean[J]. Phytopathology, 1985, 75: 199—201.
- Roane C. W., S. A. ToIn. Inheritance of reaction to two viruses in the soybean cross York×Lee68—[J]. The Journal of Heredity, 1983, 74: 289—291.
- Kwon S. H., J. H. Oh. Resistance to a necrotic strain of soybean mosaic virus in soybeans[J]. Crop Sci., 1980, 20: 403—404.
- 孙志强,刘玉芝,孙大敏,等.大豆对大豆花叶病毒 1、2、3 号毒系的抗性遗传[J].中国油料,1990,(2):20-24.
- Chen p., G. R. Buss, C. W. Roane et al. Inheritance in soybean of resistant and necrotic reactions to Soybean Mosaic Virus strains[J]. Crop Sci. 1994, 34(2): 414—422.
- Wang Y., R. C. Nelson, Y. Hu. Genetic analysis of resistance to Soybean Mosaic Virus in four soybean cultivars from China[J]. Crop Sci. 1998, 38(4): 922—925.
- 濮祖芹,曹琦,薛宝娣,等.大豆品种(品系)对大豆花叶病毒六株系的抗性反应[J].南京农学院学报,1983,(3):41-45.
- 胡蕴珠,智海剑,胡文杰,等.大豆资源对中国南北 SMV 株系的抗源筛选[D].作物科学讨论会文集,1992, pp. 333-334, 南京农业大学.
- 张志永.大豆抗 SMV 种质的 RAPD 分析及抗性基因的分子标记研究[D].南京农业大学博士论文,1996.
- 东方阳.大豆对 SMV 株系抗性的遗传分析和 RAPD 标记研究[D].南京农业大学博士论文,1999.
- 王修强,黄淮和长江中下游地区大豆花叶病毒(SMV)株系鉴定 \ 抗源筛选及抗性遗传的研究[D].南京农业大学硕士学位论文,2000.
- Gai J., Y. Z. Hu, Y. D. Zhang, et al. Inheritance of resistance of soybeans to four local strains of Soybean Mosaic Virus[R]. WSRC IV proceedings (3): 1182—1187. 1989, AASOJA, Buenos Aires, Argentina.

INHERITANCE OF RESISTANCE TO THE SMV STRAIN GROUP SC—8 IN KEFENG No. 1

Wang Xiuqiang Gai Junyi Yu Deyue

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

Abstract The responses of P₁, P₂, F_{2:3}, and RIL lines to SC—8 strain group in the soybean cross of Kefeng No. 1×1138—2 were tested. The result showed that the resistance to SC—8 in Kefeng No. 1 was controlled by a dominant gene which was designated as RSC—8 here. It demonstrates that in combining with other resistance studies, single dominant gene resistance is a basic genetic mechanism in the resistance of soybeans to SMV strains and that Kefeng No. 1 is an elite resistance source to multiple soybean mosaic viruses. It could be used in soybean breeding programs.

Key words Soybean Mosaic Virus; High virulence strain; Inheritance of resistance