

中国北方春大豆区大豆花叶病毒株系的鉴定与分布^{*}

王延伟¹ 智海剑^{1* * *} 郭东全¹ 盖钧镒^{1* *} 陈庆山²
李 凯¹ 李海朝¹

(1. 南京农业大学大豆研究所, 作物遗传与种质创新国家重点实验室, 南京 210095;
2. 东北农业大学大豆研究所, 哈尔滨 150030)

摘要 从我国北方春大豆区的黑龙江、吉林、辽宁、内蒙、河北承德以及北京采集典型症状的大豆叶片病样, 经 Top-Crop 离体叶单斑分离以及 DAS-ELISA 抗血清免疫鉴定, 共获得 112 个 SMV 阳性反应分离物。根据 112 个分离物在合丰 25、文丰 5 号、诱变 30、8101、铁丰 25、Davis、Buffalo、早熟 18、广吉、科丰 1 号、齐黄 22 共 11 个鉴别寄主上的症状反应, 将我国北方春大豆区的 SMV 分成 8 个株系群。各株系群所占比例分析表明, 北方春大豆区以 SC-11 株系群为主, 其次为 SC-8, 各占病样总数的比例分别为 51.7% 和 17.9%, SC-11 和 SC-8 分别在黑龙江和辽宁分布最广, 占当地株系群的比例分别为 67.8% 和 75.0%。与以往株系划分系统的初步比较表明, SC-11 与东北原 1 号株系群, SC-12 和 SC-16 与东北原 2 号株系群, SC-4、SC-7、SC-8、SC-13 和 SC-17 与东北原 3 号株系群在鉴别寄主上的反应相似。SC-16 和 SC-17 为 2 个新发现的株系群。

关键词 大豆花叶病毒; 鉴别寄主; 株系群; 分布

中图分类号 S 565.1 **文献标识码** A **文章编号** 1000-9841(2005)04-0263-06

大豆花叶病毒(Soybean Mosaic Virus SMV)病在我国各大豆产区广泛分布, 危害严重。以往不同研究者先后对我国北方春大豆区的 SMV 株系进行过划分, 濮祖芹等^[1]将采自东北的 SMV 分离物命名为 Sd、Sf 两个株系, 吕文清等^[2]将东北三省 SMV 分离物划分为 1 号、2 号、3 号 3 个株系群, 后又根据毒株在鉴别寄主上的症状类型, 进一步分为 2 类 6 个株系^[3]。张明厚等^[4]将东北三省、山东及中国科学院遗传所农场 231 个 SMV 毒株划分为 3 个株系群, 7 个亚群, 13 个株系。由于国内不同研究者^[1-12]使用不同鉴别寄主, 划分体系难以相互借鉴。实验室保存的原有株系大多已经丢失以及多年后田间 SMV 的株系结构可能已发生变化, 因此, 在对我国 SMV 株系进行统一划分的同时, 本文侧重对北方春大豆区 SMV 株系的组成、分布和流行情况做系统分析。

1 材料与方法

1.1 试验材料

1.1.1 病样

2003—2004 年在北方春大豆 SMV 发病盛期从黑龙江、吉林、辽宁、河北承德、内蒙和北京采集典型症状的病毒病样共 904 个。

1.1.2 SMV 鉴别寄主

SMV 病样繁殖寄主为大豆品种南农 1138-2; 用于枯斑分离的菜豆品种为 Top-Crop; SMV 株系划分所用的鉴别寄主参考王修强等人^[1-12]株系鉴定中的 21 个鉴别寄主, 另外增加 6 个当前生产上的主栽品种(详见表 1)。

1.1.3 抗血清

SMV 的酶标抗体、酶作用底物、包被抗体均由国家质量监督检验检疫总局动植物检疫实验所提供, SMV 阳性对照为本单位保存的 Sa、SC-3 株系。

1.2 试验方法

1.2.1 SMV 病样采集、繁殖病样主要采集于大豆

* 收稿日期: 2005-07-22

基金项目: 国家自然科学基金资助(30170607)

作者简介: 王延伟(1979-)男, 硕士研究生, 研究方向大豆抗病遗传育种。

* * 联系作者 Tel: 025-84396463, 025-84395405, E-mail: zhj@njau.edu.cn; sri@njau.edu.cn

生产田和部分试验田,以大豆集中产区为主,兼顾其它地区。在典型症状植株上采集病叶,用氯化钙快速干燥脱水。干燥后的叶片置于离心管中在-80℃冰箱保存。病样在防蚜网室和温室中繁殖。

1.2.2 血清学鉴定

采用双抗体夹心酶联免疫吸附分析(DAS-ELISA)方法进行血清学鉴定,检测按常规方法进行。

1.2.3 SMV 枯斑分离

菜豆品种 Top-Crop 植株经 24h 黑暗处理后,取第一对真叶离体摩擦接种待分离病样,置于 HPG-320H 人工气候箱内保湿离体培养(25~28℃,相对湿度 99%,连续光照 48~60h),观察记录产生明显稳定枯斑的病样,剪下单个较大的典型枯斑回接到南农 1138-2 上。

1.2.4 寄主鉴定

在防蚜温室及网室中,用塑料盆播种鉴别寄主,第一对真叶展开后淘汰种传病菌,每盆留苗 8~10 株,将经过生物纯化的 SMV 分离物接种于第一对完全展开的真叶上。接种后 30d 内连续观察寄主的反应,记载症状。分别记载接种叶和上位叶症状反应,系统花叶记为“M”;叶脉坏死、顶枯或枯斑均视

为坏死,以“N”表示;无症状记为“0”。凡上位叶出现系统症状者为感病,上位叶无症状或只在接种叶上出现局部枯斑的为抗病。对无症状植株进行 2~3 次重复接种做进一步确认。

2 结果与分析

2.1 感染大豆的优势病毒的确定

904 个病样在感病品种南农 1138-2 上进行繁殖,199 个病样繁毒成功。经 DAS-ELISA 检测,192 个病样呈 SMV 阳性反应,SMV 阳性病样比例为 96.5%,证明该地区危害大豆的病毒病害主要是大豆花叶病毒病。抗病育种和生产上病毒病害的防治应主要针对大豆花叶病毒病。

2.2 株系鉴定

2.2.1 北方春大豆区 SMV 分离物在鉴别寄主上的反应

将枯斑分离获得的 112 个 SMV 分离物接种在 27 个大豆品种上,根据其在 27 品种上的反应,利用王修强等^[5-7]使用的鉴别寄主为主的 11 个品种可将分离物分成 8 个株系群,各株系群的抗感反应见表 1。

表 1 SMV 株系群在鉴别寄主上的反应
Table 1 Reaction of SMV strain groups in differential hosts

株系群 Strain groups	合丰 25 Hefeng 25	文丰 5 号 Wenfeng 5	诱变 30 Youbian 30	8101	铁丰 25 Tiefeng 25	Davis	Buffalo	早熟 18 Zaoshu 18	Kwanggyo	科丰 1 号 Kefeng 1	齐黄 22 Qihuang 22
组 1	S	S	S	S	S	R	R	R	R	R	R
组 2	S	S	S	S	S	S	S	S	R	R	R
组 3	S	S	S	S	S	S	S	S	S	R	R
组 4	S	R	R	S	S	R	R	R	R	R	R
组 5	S	S	R	S	S	R	S	R	R	R	R
组 6	S	S	S	S	S	S	S	R	S	R	R
组 7	S	S	R	S	S	R	R	R	R	R	R
组 8	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	R

注:“S”表示感病(系统花叶或枯斑),“R”表示抗病(上位叶无症状)。
Note: "S" denotes susceptible (mosaic or necrosis on inoculated upper leaves); "R" denotes resistant (symptom-less)

在 27 个品种中,与合丰 25 具有相应抗感反应的品种有南农 1138-2、南农 493-1、南农 133-3、Ogden、齐黄 10 号、猴子毛、黑农 44、东农 43;与诱变 30 相应的品种有跃进 4 号、徐豆 5 号;与 Davis 相应的品种有吉林 26;与早熟 18 相应的有辽豆 11。科系 8 号、郑 92116、吉育 63 和齐黄 26 的反应不稳定,不宜做鉴别寄主使用。

为避免其它研究者使用鉴别寄主时出现“同名

异种”现象,表 2 给出 11 个鉴别寄主的来源及部分形态标记性状。

为与其它大豆产区的株系命名体系^[5-7]保持一致,将组 1、组 2、组 3 三个与以往鉴定株系^[5]反应相同的株系群分别归入 SC-4、SC-7、SC-8 株系群;组 4、组 5、组 6 株系群与郭东全鉴定的 3 个黄淮株系群(另文发表)反应相同,将其分别归入对应的 SC-11、SC-12、SC-13 株系群;组 7 和组 8 是未曾报

表 2 鉴别寄主的来源及部分性状
Table 2 Origin and traits of differential hosts

鉴别寄主 Differential hosts	来源地 Source place	系谱 Pedigree	花色 Flower color	种皮色 Seed coat color	种脐色 Seed hilum color	茸毛色 Pubesence color
合丰 25 Hefeng 25	黑龙江	合丰 23× 克交 4430—20	白	黄	淡褐	灰
文丰 5 号 Wenfeng 5	山东	齐黄 1 号× 集体 5 号	白	黄	淡褐	灰
诱变 30 Youbian 30	北京	(58—161× 徐豆 1 号)F ₃ 辐射诱变选系	紫	黄	淡褐	灰
8101	北京	[(诱变 30× 野 2)× 7902]× 40354	白	黄	褐	棕
铁丰 25 Tiefeng 25	辽宁	铁 7116—10—3× 铁 7555—4—2	紫	黄	淡褐	灰
Davis	美国	D49—2573× N45—1497	白	黄	褐灰	
Buffalo	美国	津巴布韦地方品种	白	黄	褐	灰
早熟 18 Zaoshu 18	北京	7902× 7821	紫	黄	淡褐	灰
Kwanggyo	美国	引自南朝鲜	紫	黄	褐	灰
科丰 1 号 Kefeng 1	北京	河北地方品种系统选择	白	黑	黑	棕
齐黄 22 Qihuang 22	山东	7032× 7033	白	黄	淡褐	灰

道过的 2 个新株系群, 将其定名为 SC—16、SC—17。染合丰 25、南农 1138—2、南农 493—1、南农 133—3、8101、铁丰 25、Ogden、齐黄 10 号、猴子毛、黑农 44 和东农 43; SC—17 株系群致病力最强, 能侵染除齐

表 3 列出各株系群在鉴别寄主上的症状反应, 其中 SC—11 株系群的致病力相对较弱, 只能系统侵

表 3 SMV 株系群在鉴别寄主上的症状反应

Table 3 Reaction of SMV strain groups on differential hosts

株系群 Strain g r oups	合丰 25 Hefeng 25	文丰 5 号 Wenfeng 5	诱变 30 Youbian 30	8101	铁丰 25 Tiefeng 25	Davis	Buffalo	早熟 18 Zaoshu 18	Kwanggyo	科丰 1 号 Kefeng 1	齐黄 22 Qihuang 22
SC—4(组 1)	0/ M	N/ N	N/ M	0/ M	N/ M	0/ 0	0/ 0	0/ 0	0/ 0	0/ 0	0/ 0
SC—7(组 2)	0/ M	N/ N	N/ N	0M	0/ M	0/ M	0/ M	0/ M	0/ 0	0/ 0	0/ 0
SC—8(组 3)	0/ M	N/ M	N/ M	0/ M	N/ M	N/ M	N/ M	N/ M	N/ N	0/ 0	0/ 0
SC—11(组 4)	0/ M	N/ 0	N/ 0	0/ M	0/ M	N/ 0	0/ 0	0/ 0	0/ 0	0/ 0	0/ 0
SC—12(组 5)	0/ M	N/ N	0/ 0	0/ M	0/ M	N/ 0	N/ M	0/ 0	N/ 0	0/ 0	0/ 0
SC—13(组 6)	0/ M	N/ M	N/ M	0/ M	N/ M	N/ M	0/ M	0/ 0	N/ N	0/ 0	0/ 0
SC—16(组 7)	0/ M	N/ N	0/ 0	0/ M	0/ M	N/ 0	N/ 0	0/ 0	N/ 0	0/ 0	0/ 0
SC—17(组 8)	0/ M	N/ M	N/ M	0/ M	0/ M	N/ M	N/ M	0/ M	N/ N	0/ M	0/ 0

注: 分子为接种叶反应, 分母为上位叶反应; 0 为无症状, M 为花叶, N 为坏死。
Note: reaction of inoculated leaves/ reaction of upper leaves; 0= symptomless; M= mosaic; N= necrosis

黄 22 之外的所有鉴别寄主。

2.2.2 SMV 株系群的地区分布

为 SC—8 (14.3%)、SC—13 (14.3%) 和 SC—16 (14.3%)。在北京和河北承德发现可侵染广谱抗源科丰 1 号的强毒株系群 SC—17。

表 4 显示, 黑龙江以 SC—11 的比例最大, 占当地株系群的 67.8%, 其次为 SC—4(10.7%)和 SC—7(10.7%); 吉林也以 SC—11 比例最高(60.6%), 其次为 SC—4 (9.1%)、SC—8 (9.1%) 和 SC—13 (9.1%); 辽宁以 SC—8 的分布比例最高(75.0%), 其次为 SC—7(12.5%)和 SC—11(12.5%); 河北承德、内蒙赤峰所采毒样较少, 所得资料显示两地以 SC—11 株系群为主; 北京顺义区和中国农科院试验田所采病样显示, SC—11(47.7%)的比例最高, 其次

综合以上结果, SC—11 和 SC—8 株系群在我国北方春大豆区分布较广, 占病样总数的 51.7%和 17.9%; SC—4 和 SC—13 也有一定比例, 均为 7.1%, 再其次为 SC—7 和 SC—16, 均为 5.4%。黑龙江以毒力弱的 SC—11 为主, 吉林虽也以 SC—11 为主, 毒力较强的 SC—8 和 SC—13 比例有所增加, 辽宁以毒力较强的 SC—8 为主, 北京和河北承德出现了能侵染广谱抗源科丰 1 号的强毒株系群 SC—

17. 从株系群的致病性强弱的地域分布看, 株系群毒力有自北向南逐渐增强的趋势。从品种的抗性来看, 来自黑龙江的合丰 25、黑农 44 和东农 43 全属高

感类型, 辽宁的辽豆 11 抗性较强, 抗性自北向南也有逐渐增加的趋势。这与张明厚^[4]对东北地区 SMV 研究得出的结论基本一致。

表 4 北方春大豆区各株系群的分布

Table 4 Distribution of SMV strain groups in Northern China Spring Planting Soybean Region									
采集地 Source	测定病样数	株系群 Strain groups							
	Number of isolates	SC— 4	SC— 7	SC— 8	SC— 11	SC— 12	SC— 13	SC— 16	SC— 17
黑龙江 Heilongjiang	28	10. 7	10. 7	3. 6	67. 8	3. 6	3. 6	—	—
吉林 Jilin	33	9. 1	3. 0	9. 1	60. 6	3. 0	9. 1	6. 1	—
辽宁 Liaoning	16	—	12. 5	75. 0	12. 5	—	—	—	—
赤峰 Chifeng	5	—	—	—	60. 0	20. 0	—	20. 0	—
承德 Chengde	9	11. 1	—	11. 1	44. 4	—	11. 1	—	22. 3
北京 Beijing	21	4. 7	—	14. 3	47. 7	—	14. 3	14. 3	4. 7
合计 Total	112	7. 1	5. 4	17. 9	51. 7	2. 7	7. 1	5. 4	2. 7

2.3 与吕文清鉴定株系群的对应关系

SC-11 与吕文清等^[3]鉴定的 1 号株系群在九农 9 号、文丰 5 号、诱变 30 这 3 个鉴别寄主上的抗感反应一致; SC-12 和 SC-16 株系群与原来的 2 号株系群反应一致; SC-4、SC-7、SC-8、SC-13 和 SC-17 株系群与原 3 号株系群的反应一致, 它们应分别属于原来的 1 号、2 号和 3 号株系群。SC-11 在 SMV 总病样数中占的比例为 51.7%, SC-12

和 SC-16 占的比例合计为 8.1%, SC-4、SC-7、SC-8、SC-13 和 SC-17 的比例合计为 41.2%, 吕文清等^[3]当时所鉴定的 1 号、2 号和 3 号株系群的比例分别为 32%、46%和 22%, 株系群比例在两次调查之间有所变化, 原因之一可能是病样采集地区不完全相同, 另一原因可能是不同抗性品种的推广引起株系群比例的动态消长。

表 5 8 个株系群在吕文清^[2]鉴别寄主上的抗感反应

Table 5 Inoculation reaction of SMV strain groups in differential hosts identified by Lu Wenqing ^[2]								
鉴别寄主 Differential hosts	株系群 Strain groups							
	SC-11 1 号	SC-12 2 号	SC-16 2 号	SC-4 3 号	SC-7 3 号	SC-8 3 号	SC-13 3 号	SC-17 3 号
九农 9 号 Jiunong 9	S	S	S	S	S	S	S	S
文丰 5 号 Wenfeng 5	R	S	S	S	S	S	S	S
诱变 30 Youbian 30	R	R	R	S	S	S	S	S

3 讨论

3.1 SMV 病样的纯化

田间采集的病样可能是不同株系的混合物, 进行株系划分时, 有必要对其进行纯化。本试验参照 Milbrath G M 和 Soong M M^[13]的方法, 所有病样经过菜豆品种 Top-Crop 枯斑分离。呈血清阳性反应的病样中, 有的病样可在 Top-Crop 离体叶上产生典型的坏死斑, 但回接于南农 1138-2 上不显症, 其余的无典型的坏死斑反应。本研究尝试用其它菜豆品种和大豆品种对这些病样进行纯化, 但无枯斑反应或反应不明显。所以本研究中株系划分所用病样数目有所减少。在今后的 SMV 分离纯化研究中

有待寻找更理想的枯斑品种。

3.2 SMV 株系划分

一般是根据 SMV 分离物在一套鉴别寄主上的不同致病反应划分株系。如果鉴别寄主过少, 可区别的株系必然较少, 不能精确反映株系的差异, 同一株系内的分离物只是相似, 并非完全相同。如果增加鉴别寄主, 株系群能被进一步细化, 株系数量增多。株系数量过多, 不便实际应用。本文利用 11 个鉴别寄主将北方春大豆区的 SMV 划为 8 个株系群, 以往由于使用不同的鉴别寄主, 各鉴定体系不易相互比较, 造成了株系、抗源以及研究结果交流的困难。为此本研究采集了全国大豆主产区 SMV 病样, 在王修强等^[5~7]以往所用鉴别寄主基础上, 重点对我国北方春大豆区 SMV 株系进行划分。结果表明,

北方春大豆区和黄淮以及长江中下游地区株系群存在着交叉, 目前正在对不同地区 SMV 株系群进行比较以便形成全国统一的 SMV 划分体系。

基于分子序列的 SMV 株系划分结果可能会更准确。SMV 全基因组序列和部分序列已得到测序^[14-18], 但迄今没形成可实际用于 SMV 株系划分的方法和标准, 还没有建立序列差异和 SMV 株系致病性差异的对应性关系, 本课题组正在进行该方面的研究。

3.3 SMV 抗病育种策略

SMV 株系群在各大豆产区的分布存在差异, 抗 SMV 育种应针对本地区主要流行株系群。本研究显示, 黑龙江应针对株系群 SC-11, 兼顾 SC-4 和 SC-7; 吉林应针对 SC-11, 兼顾 SC-4、SC-8 和 SC-13; 辽宁应针对 SC-8, 兼顾 SC-7 和 SC-11; 内蒙赤峰应针对 SC-11, 兼顾 SC-12 和 SC-16; 河北承德应针对 SC-11 株系群, 兼顾 SC-17; 北京应针对 SC-11 株系群, 兼顾 SC-8、SC-13 和 SC-16。

致谢: 在 SMV 病样采集以及鉴别寄主征集时, 承蒙黑龙江省农科院满为群、吉林省农科院杨光宇、阎晓燕、杨振宇, 长春市农科院赵福林、辽宁省农科院宋书宏、铁岭市农科院傅连舜、中国农业科学院韩天富、河南省农科院李卫东以及山东省农科院徐冉等同行的大力支持, 在此一并表示感谢。

参 考 文 献

- 1 濮祖芹, 曹琦, 房德纯. 大豆花叶病毒的株系鉴定[J]. 植物保护学报, 1982, 9(1): 31-36.
- 2 吕文清, 张明厚, 魏培文, 等. 东北三省大豆花叶病毒(SMV)株系的种类与分布[J]. 植物病理学报, 1985, 15(4): 225-229.
- 3 吕文清, 李延华. 大豆花叶病毒的株系划分及株系间的交互作用

- [J]. 大豆科学 1992, 11(4): 290-298.
- 4 张明厚, 魏培文, 张春泉. 我国东北部 SMV 对大豆主栽品种的毒力测定[J]. 植物病理学报, 1998, 28(3): 237-242.
- 5 王修强, 盖钧镒, 濮祖芹. 黄淮和长江中下游地区大豆花叶病毒株系鉴定与分布[J]. 大豆科学, 2003, 22(2): 102-107.
- 6 杨雅麟. 长江中下游地区大豆花叶病毒(SMV)株系组成、分布及抗性研究[D]. 南京农业大学硕士论文, 2002.
- 7 战勇. 黄淮地区大豆花叶病毒的生物学检测、株系鉴定及大豆抗性的遗传与基因定位[D]. 南京农业大学硕士论文, 2003.
- 8 许志刚, Goodman R M, Polston J E. 大豆花叶病毒株系的鉴定[J]. 南京农学院学报, 1983, 3: 36-40.
- 9 余子林. 湖北地区大豆花叶病毒的研究[C]. 全国大豆病害学术讨论会论文摘要汇编, 1986.
- 10 罗瑞悟, 杨崇良, 尚佑芬. 山东大豆花叶病毒株系鉴定[J]. 山东农业科学, 1990, (5): 16-19.
- 11 尚佑芬, 赵玖华, 杨崇良. 黄淮区大豆花叶病毒株系组成与分布[J]. 植物病理学报, 1999, 29(2): 115-119.
- 12 陈永萱, 薛宝娣, 胡蕴珠, 等. 大豆花叶病毒两个新株系的鉴定[J]. 植物保护学报, 1986, 13(4): 221-226.
- 13 Milbrath G M, Soong M M. A Local lesion assay for soybean mosaic virus using Phaseolus Vulgaris L. cv. Top Crop[J]. Phytopath Z. 1976, 87(2): 255-259.
- 14 Jayaram C, Hill J H, Miller W A. Nucleotide Sequence of the coat protein genes of two aphid-transmissible strains of soybean mosaic virus[J]. Journal of General Virology. 1991, 72: 1001-1003.
- 15 Eggenberger A L, Stark D M, Beachy R N. The nucleotide sequence of soybean mosaic virus coat protein-coding region and its expression in E. Coli, Agrobacterium tumefaciens and tobacco callus[J]. Journal of General Virology, 1989, 70: 1853-1860.
- 16 黎昊雁, 陈炯, 陈剑平. 大豆花叶病毒杭州分离物基因组全序列测定及其结构分析[J]. 科技通报, 2003, 3(2): 90-93.
- 17 陈炯, 黎昊雁, 尚佑芬, 等. 大豆花叶病毒黄淮 5 号株系的基因组全序列分析[J]. 病毒学报, 2002, 9(3): 270-274.
- 18 储瑞银, 冷晓红, 鲍一明, 等. 应用聚合酶链式反应扩增大豆花叶病毒外壳蛋白及其序列分析[J]. 植物学报, 1992, 34(7): 523-528.

CLASSIFICATION AND DISTRIBUTION OF STRAIN GROUPS OF SOYBEAN MOSAIC VIRUS IN NORTHERN CHINA SPRING PLANTING SOYBEAN REGION

Wang Yanwei¹ Zhi Haijian¹ Guo Dongquan¹ Gai Junyi¹ Chen Qingshan² Li Kai¹ Li Haichao¹

(1. Soybean Research Institute, Nanjing Agricultural University, National Key Laboratory for Crop Genetics and Germplasm Enhancement, Nanjing 210095; 2. Soybean Research Institute, Northeast Agricultural University, Harbin 150030)

Abstract 904 specimens of soybean mosaic virus (SMV) were collected from Heilongjiang, Jilin, Liaoning, Hebei, Neimeng and Beijing in Northern China Spring Planting Soybean Region. The symptomatology and serology were carried out to purify and detect SMV. From them, 112 SMV isolates were obtained. Based on their response to 11 differential hosts such as Hefeng 25, Wenfeng 5, Youbian 30, 8101, Tiefeng

25, Davis, Buffalo, Zaoshu 18, Kwanggyo, Kefeng 1 and Qihuang 22, 112 SMV isolates were classified into 8 strain groups. Among them, SC-11 was the widest in Northern China Spring Planting Soybean Region with a proportion of 51.7%, and then SC-8, with a proportion of 17.9%. As far as the proportion of local SMV strain groups are concerned, the distributions of SC-11 and SC-8 were the widest in Heilongjiang with a proportion of 67.8% and in Liaoning with a proportion of 75.0%, respectively. The results of comparison of 11 SMV strain groups in present experiment with strain groups identified by Lu Wenqing showed that, SC-11 was similar with No.1 strain groups, SC-12 and SC-16 were similar with No.2, SC-4, SC-7, SC-8, SC-13 and SC-17 were similar with No.3. SC-16 and SC-17 were new strain groups.

Key words Soybean mosaic virus; Differential hosts; Strain groups; Distribution of strain groups

高 丰 1 号

1 品种来源 高油夏大豆新品种“高丰1号”系金乡大豆协会、济宁市农科院以7627为母本,7512为父本有性杂交系谱法选育而成。2005年3月通过了山东省农作物品种审定委员会审定,列为高油品种,其编号为鲁农审字[2005]033号。

2 特征 亚有限结荚习性,植株直立,株型收敛,幼苗健壮,株高108.9cm,主茎17.4节,有效分枝1.1个,单株粒数74.7粒,叶圆形、白花、棕毛,籽粒椭圆形,种皮黄色,脐黑色,百粒重16.73g,蛋白质含量38.57%,脂肪21.58%。

3 特性 属山东省夏大豆,生育期106天,中早熟品种,6月上、中旬播种,9月底成熟,抗花叶病毒病,抗倒伏,落叶,不炸荚,田间长相好。

4 产量表现 2000年品比试验,246.78kg/667m²,较对照鲁豆11号增产18.7%;2001年品比试验平均产量227.8kg/667m²,较对照鲁豆11号增产9.83%。2002年参加山东省夏大豆区域试验,平均产量192.73kg/667m²,较对照鲁豆11号减产3.22%,高产点236.0kg/667m²;2003年山东省区域试验,平均产量180.3kg/667m²,较对照鲁豆11号增产6.6%,高产点260.0kg/667m²。2002—2003年平均产量186.2kg/667m²,较对照鲁豆11号增产1.58%;鲁南、鲁中二片,平均产量179.4kg/667m²,较对照鲁豆11号增产3.6%。2004年参加山东省生产试验,平均产量170.44kg/667m²,较对照鲁豆11号增产8.67%。

5 栽培要点 该品种适应范围广,在鲁中、鲁南、鲁西种植表现良好,不但高产稳产、抗倒伏,而且还高抗大豆花叶病毒病,引种试验表明,苏北、皖北及豫东北夏大豆区也可种植。适宜播期是6月上中旬,播种量5—6kg/667m²,留苗1.2—1.5万株/667m²。播种前施10kg/667m²氮、磷、钾复合肥作底肥,也可在初花期追施复合肥10kg/667m²(深施)。及时灭除田间杂草、虫害。花英期注意防旱排涝,遇旱及时浇水。

李继存 赵 云 周长忠 郭来地

山东省济宁市农业科学研究院

电话:0537—2032481