

# 大豆 SMV 3 号株系抗病基因的 SSR 标记<sup>\*</sup>

滕卫丽<sup>1</sup> 李文滨<sup>1</sup> 邱丽娟<sup>2</sup> 韩英鹏<sup>1</sup> 赵桂云<sup>1</sup> 关荣霞<sup>2</sup> 常汝镇<sup>2</sup>

(1. 东北农业大学大豆研究所, 国家教育部大豆生物学重点实验室, 哈尔滨 150030;

2. 中国农业科学院作物科学研究所, 北京 100081)

**摘要** 运用简单序列重复技术(SSR 技术), 采用改良的分离群体组群分析法(BSA 法), 对大豆品系中选 95-5117(R)×HB1(S)的 F<sub>5</sub> 代重组自交系群体接种 SMV 3 号株系鉴定抗性, 并进行抗病基因的分子定位。结果表明: 中选 95-5117 对 SMV 3 号株系的抗性受一对基因控制。用 Mapmaker/Exp3.0b 进行连锁分析, 该基因位于大豆染色体组的 F 连锁群上, 并获得了与 SMV3 号株系抗病基因连锁的 2 个 SSR 标记 Satt114 和 Satt362, 遗传距离分别为 2.3cM 和 8.6cM。标记与抗病基因间的排列顺序和距离为: Satt114-2.3 cM-RSMV3-8.6 cM-Satt362。

**关键词** 大豆; 大豆花叶病毒; 抗病基因; SSR 标记

中图分类号 S 565.1 文献标识码 A 文章编号 1000-9841(2006)03-0244-06

大豆花叶病毒(*Potyvirus*, Soybean mosaic virus, SMV)病是世界性病害, 也是我国大豆生产中的主要病害之一, 分布于各大产区, 可导致产量降低, 籽粒品质变劣即产生褐斑粒或黑斑粒(种皮产生斑驳), 严重影响着大豆的经济价值。大豆花叶病毒株系不同, 致病力和侵染后产生的症状也不同。吕文清等(1985)用三类抗性不同的大豆品种合丰 23 号、铁丰 18 号和诱变 30 号为鉴别寄主, 将东北的 SMV 毒株划分为 SMV1 号、2 号和 3 号株系, 其中以 3 号株系的致病力最强<sup>[1]</sup>。

种植抗病品种是防治大豆 SMV 病最经济有效的办法。但传统的育种方法所需时间较长, 不能满足大豆生产对新品种的需求。随着分子生物学的日益发展, 利用 RFLP、AFLP、RAPD 和 SSR 等分子标记技术寻找与抗病基因紧密连锁的分子标记, 从而进行抗性鉴定和标记辅助选择育种。国内外学者采用 RFLP、AFLP 和 RAPD 技术应用于大豆花叶病毒病的研究较多<sup>[2, 3, 13]</sup>, 而应用重复性好且成本适中的 SSR 技术则很少。

目前, 国外已经命名了 3 个抗 SMV 的位点, 即 *Rsv1*、*Rsv3* 和 *Rsv4*, 其中在 PI96983 中鉴定出单显性抗 SMV 基因 *Rsv1*, 定位在大豆分子连锁群 F 上<sup>[13, 14]</sup>; 在 Columbia 中发现与 *Rsv1* 相独立的单显

性抗 SMV 基因 *Rsv3*, 定位在 B2 连锁群上<sup>[15]</sup>; 在 PI486355 发现一个独立于 *Rsv1* 和 *Rsv3* 的基因, 命名为 *Rsv4*<sup>[16]</sup>, 定位在 D1b 连锁群上<sup>[17]</sup>。但以上定位的基因, 接种的株系均为美国的 G1-G7。在国内, 王永军等(2004)将 5 个 SMV 株系(Sa、Sc-8、Sc-9、N1、N3)的抗病基因定位在连锁群 D1b+W 上<sup>[4]</sup>, 主要应用的是 RFLP 和 SSR 技术, 其中应用的 SSR 技术未找到紧密连锁的标记。

本研究利用 SSR 技术, 对抗感亲本的杂交后代群体的抗病性进行分析, 寻找与抗病基因紧密连锁的 SSR 标记, 为分子标记辅助育种、抗病基因的克隆和优良抗病品种的培育奠定基础, 以期减少大豆花叶病毒病对生产造成的经济损失。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料

以中国农业科学院作物品种资源研究所提供的中选 95-5117×HB1 的 F<sub>5</sub> 代重组自交系群体为试验材料, 共 117 个株系。亲本对 SMV 3 号株系的抗性表现见表 1。2004 年 4 月 28 日在东北农业大学

\* 收稿日期: 2005-10-09

基金项目: 863 项目(编号: 2003AA207060)的部分研究内容

作者简介: 滕卫丽(1972-), 女, 博士, 研究方向大豆生物技术。

通讯作者: 李文滨教授, 博士生导师。E-mail: wenbinli@yahoo.com。

实验实习基地播种亲本和 F<sub>5</sub> 代群体, 顺序排列, 行长 2m, 行株距 70cm×5cm。

对生真叶期采用人工汁液摩擦接种 SMV3 号株系, 每行接种 10 株, 10d 后重复接种一次。接种后 2 周开始调查症状。大豆 SMV 3 号株系的抗病与感病采用相对属性划分标准, 凡先后两次汁液摩擦接种后一个月内不发病或只在接种叶上出现局部枯斑而上位叶无症状者为抗病; 凡接种后出现系统花叶或系统坏死症状者, 不论轻重或皱缩花叶还是黄斑或叶脉坏死及顶枯者均属感病类型<sup>[5, 9]</sup>。

利用分离群体组群分析法(bulked segregant analysis, BSA 法)<sup>[18]</sup> 并进行了改进。首先以亲本筛选出有差异的 SSR 引物, 然后从 F<sub>5</sub> 代群体中选择表现型鉴定为极抗和极感的单株各 15 株提取 DNA, 将 DNA 浓度稀释成 25ng/ul, 构成小试样本, 从有差异的引物中筛选与 SMV 抗性基因相关的分子标记, 通过 F<sub>5</sub> 代群体的 117 个株系计算标记与抗病基因的遗传距离, 并构建大豆连锁图谱。

表 1 亲本对 SMV3 号株系的抗性反应

Table 1 Response of parental varieties to SMV3		
亲本 Parents	对 SMV3 号株系的抗性反应 Response to SMV3	
	症状型 <sup>1)</sup> Symptoms	抗性 <sup>2)</sup> Resistance
中选 95-5117	O	R
HB1	RM C	S

注: 1) O: 无症状; R: 皱缩; M: 花叶; C: 卷叶; 2) R: 抗病; S: 感病  
1) O: no symptom; R: ruffle; M: mosaic; C: curl leaf; 2) R: resistant; S: susceptible

1.2 毒源与接种

毒源为东北 SMV 3 号株系群的毒株 SMV-87-44, 保存在感病品种合丰 25 上。制备接种液: 采集毒源病叶放入研钵中, 加入 0.01mol/L 的磷酸缓冲液(pH=7.0) (10 ml/g 病叶) 和 600 目的金刚砂少许, 将病叶研磨成匀浆状。用毛笔蘸取接种液在对生真叶上沿叶脉摩擦接种, 接种后立即用自来水冲洗叶片表面残渣。

1.3 叶片总 DNA 提取

采用 CTAB 法提取叶片总 DNA。取 1g 叶片在液氮中研成粉末, 装入 50ml 离心管中。加入 15ml 65℃预热的 CTAB 提取缓冲液[1.0%CTAB (w/v); 1.4mol/L NaCl; 0.2% 巯基乙醇; (v/v); 100mM Tris-HCl, pH 8.0; 50 mM EDTA], 混匀, 65℃保温 2hr 以上, 倒置 3~5 次。室温冷却 5min, 用等体积的氯仿/异戊醇[24:1 (v/v)] 抽提 2 次, 每次 4500 r/min 离心 15min, 取上清液。加入 50μl

RNase(10mg/ml), 摇匀, 室温下静止 30min。加入等体积-20℃预冷的异丙醇, 倒置 15 次以上, 挑出絮状沉淀, 放入 1.5ml 离心管中, 70%乙醇浸洗 2 次, 室温吹干至无酒精味。溶于 200~500μl 的 ddH<sub>2</sub>O 中, -20℃保存备用。0.8%琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 的质量和浓度。

1.4 SSR 反应

SSR 引物来源: 根据 Soybase 网址(<http://129.186.26.94/>) 提供的 SSR 引物序列, 由上海博亚生物技术有限公司合成。

PCR 反应体系: 反应总体积为 20μl, 反应液包括 2μl 模板 DNA (25ng/μl), 2μl 10× PCR buffer, 1.5μl MgCl<sub>2</sub> (25mM), 2.0μl SSR primer (10ng/μl), 0.2μl dNTP (10mM), 0.2μl Taq 酶, ddH<sub>2</sub>O 补至 20μl, 矿物油覆盖。

PCR 扩增条件: SSR 反应在 95℃预变性 5min, 然后进入循环: 94℃变性 30sec; 47℃复性 30sec; 72℃延伸 30sec; 循环 36 次后在 72℃延伸 5min, 降温至 4℃保存。

聚丙烯酰胺凝胶电泳: PCR 产物加入 8μl 甲酰胺双色 Loading Buffer, 置于 PCR 仪中 94℃变性 5min, 放入冰水混合物中冷却。用 6%的聚丙烯酰胺标准测序胶分离, 凝胶成分包括 6%的聚丙烯酰胺、8mmol/l 脲素、0.04%过硫酸铵、0.1%TEMED, 电泳缓冲液 1×TBE, 在 100W 恒功率下电泳约 2hr, 用快速银染法对凝胶进行染色, 统计带型并照相。

1.5 数据整理和连锁分析

根据 SSR 标记的分析结果, 将各株系位点的带型和亲本相应位点的带型进行比较, 与母本中选 95-5117 带型有相同位点的基因型记为 A, 与父本 HB1 带型有相同位点的基因型记为 B, 双亲杂合带型为 H, 由于各种原因造成的带型不清楚或数据缺失的位点的基因型记为“-”。将抗病基因记为 A, 感病基因记为 B。农艺性状同样原则处理, 并用 SAS8.0 做抗病性与农艺性状的相关性分析。将抗病位点作为一个标记位点处理, 用 Mapmaker/EXP3.0b<sup>[19]</sup> 软件进行连锁分析, 用 Mapchart2.1 作图软件构建分子标记连锁图谱。用 Kosambi 函数将重组率转换成遗传距离(centimorgan, cM)。

2 结果与分析

2.1 抗病性鉴定结果分析

2004 年 F<sub>5</sub> 代重组自交系群体抗病性鉴定结果

分为抗、感两级, 分别用 R、S 表示, 如图 1 所示: 117 个株系中有 62 个表现抗病, 55 个表现感病。经  $\chi^2$  测验,  $\chi^2=0.31<\chi^2_{0.05,1}=3.84$ , 如表 2 所示: 可以看出抗病株系与感病株系分离比符合 1:1 的理论比

例, 说明中选 95-5117 对 SMV 3 号株系的抗性受一对基因控制, 这与前人的研究结果一致<sup>[7]</sup>。由于使用的是重组自交系, 无法判断是显性还是隐性, 但前人均已证实抗病为显性<sup>[8-10]</sup>。

表 2 抗病性鉴定结果  
Table 2  $\chi^2$  Analysis on resistant and susceptible ratio

材料 Material	株系数 Number of lines			期望比率 Expected ratio	χ <sup>2</sup> 值 χ <sup>2</sup> value	概率 Probability
	株系数 Number of lines	抗 Resistant	感 Susceptible			
中选 95 – 5117× HBI	117	62	55	1 : 1	0.31	0.52

2.2 SMV 抗病基因的 SSR 引物筛选

在选用的 600 对 SSR 引物中共有 181 对引物在亲本间具有多态性(占使用引物的 27.85%), 在抗感小群体间存在差异的引物有 152 对, 多态性良好的有 101 对, 其中 Satt114、Satt362(0.33%)扩增出

的多态性条带在抗病亲本与抗病小群体、感病亲本与感病小群体之间表现一致(见图 2), 并且这 2 对引物在 F<sub>5</sub> 代重组自交系群体中表现抗病性与多态性条带协同分离的趋势(见图 3)。这 2 对引物的主要信息如(表 3)所示。

表 3 SSR 引物主要信息  
Table 3 Information of SSR primers

引物 Primer	染色体定位 Chromosome location	引物序列 Primer sequence(5'-3')	退火温度(℃) Annealing temperature(℃)
Satt114	F	Forward-GGGTTATCCTCCCCAATA	52.60
		Reverse-A TATGGGATGATAAGGTGAAA	49.80
Satt362	F	Forward-GCGTGTGTGTTCAAATGTATTTTAGTT	53.80
		Reverse-GCGGACGGA TCATCAAACCAATCAAGAC	62.50

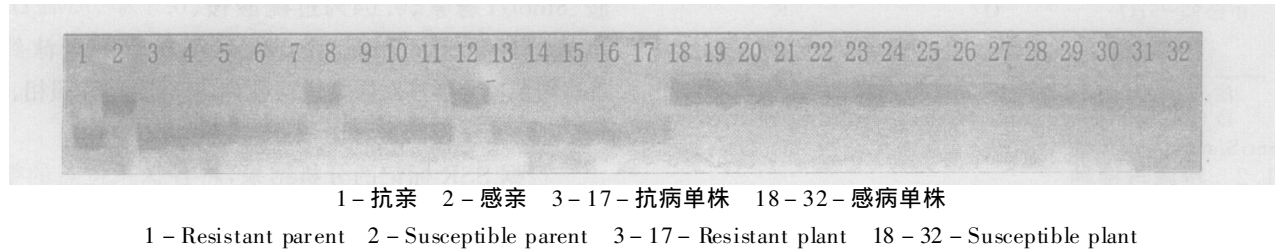


图 1 引物 Satt114 在抗感小群体中的多态性表现

Fig.1 The polymorphism of Satt114 in Resistant/Susceptible sub population

2.3 Satt114 和 Satt362 与 RSMV3 基因的连锁关系

用筛选出的 2 对引物 Satt114 和 Satt362 对中选 95-5117×HB1 的 F<sub>5</sub> 代群体的 117 个株系进行 SSR 扩增。结果表明, Satt114 与抗病性鉴定结果

符合程度最好, 62 个抗病植株中有 59 个扩增出的多态性条带与抗病亲本一致, 另外 3 株扩增出的多态性条带与感病亲本一致; 55 个感病植株中有 53 个扩增出的多态性条带与感病亲本一致, 另外 2 株扩增出的多态性条带与抗病亲本一致。用 Satt362

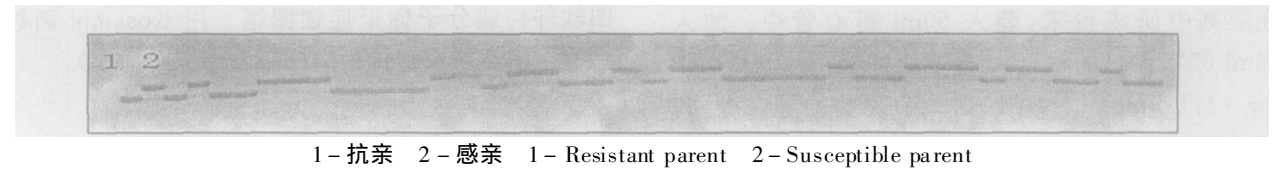


图 2 标记 Satt114 在部分株系中的分布

Fig.2 Band Pattern of Satt362 in a part lines

分析, 62 个抗病植株中有 52 个扩增出的多态性条带与抗病亲本一致, 另外 10 株扩增出的多态性条带与感病亲本一致。依据以上数据进行连锁分析, 得出这两个分子标记与抗性基因的连锁顺序为

表 4 引物 Satt114 和 Satt362 在 117 个株系中的多态性表现  
Table 4 The Polymorphism of Satt114 and Satt362 in 117 lines

引物名称 Primers	抗病株系 62 Resistant lines 62				感病株系 55 Susceptible lines 55			
	抗亲带型 Resistant parent	感亲带型 Susceptible parent	杂合型	无扩增反应	抗亲带型 Resistant parent	感亲带型 Susceptible parent	杂合型	无扩增反应
Satt114	59	3	0	0	2	53	0	0
Satt362	52	10	0	0	6	49	0	0

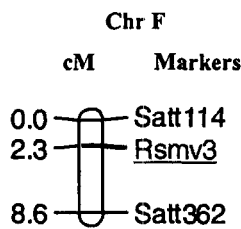


图 3 RSMV3 基因及其分子标记 Satt114 和 Satt362 在大豆 F 染色体上的排列  
Fig. 3 The location of RSMV3 and Satt114/Satt362 in Linkage Group F

### 3 讨论

#### 3.1 与 SMV 抗病基因紧密连锁的 SSR 标记 Satt114 和 Satt362 在大豆遗传连锁图上的定位

SSR 标记 Satt114 和 Satt362 定位于中选 95 - 5117×HB1 作图群体的 F 连锁群上, 该连锁群与 Cregan(1999)<sup>[29]</sup> 发表的 2 个作图群体(USDA / Io

Satt114 - RSMV3 - Satt362, 连锁距离为 2.3 cM - RSMV3 - 8.6 cM。标记 Satt114 在部分株系的扩增结果见图 3。

wa 州立大学 *G. max* × *G. Soja* F<sub>2</sub> 群体和 Nebraska 大学 Clark × Harosoy F<sub>2</sub> 群体)的 F 连锁群均具有共同的 SSR 标记, 如 Satt114, Satt334。由于采用的是不同的作图群体, 这 3 个 F 连锁群上的分子标数目及标记间遗传距离均存在一定的差异。

#### 3.2 F 连锁群上的 SMV 抗病基因 R<sub>SMV3</sub> 与 Rsv1 基因的关系

Alec J. Hayes 等(2000)报道了大豆分子连锁群 F 上存在抗病基因簇<sup>[21]</sup>。已知有 4 个主要抗病基因定位于 F 连锁群上, 分别为 *Rps3*(大豆疫霉根腐病)<sup>[22]</sup>、*Rsv1*(大豆花叶病毒病)<sup>[13]</sup>、*Rpv1*(花生花叶病毒病)<sup>[23]</sup> 和 *Rpg1*(大豆细菌性斑点病)<sup>[24]</sup>。但盖钧镒等(1989)指出抗性基因与 SMV 株系存在一一对应关系, 这与 Roane 等(1986)提出的 SMV 抗性中的“基因对基因”假说不谋而合<sup>[11]</sup>。所以根据基因对基因假说, 可以证明在中选 95 - 5117×HB1 中, SMV 3 号株系对应的抗病基因与 *Rsv1* 应该不在同一位点, 而且 *Rsv1* 对应的 SMV 株系是美国的

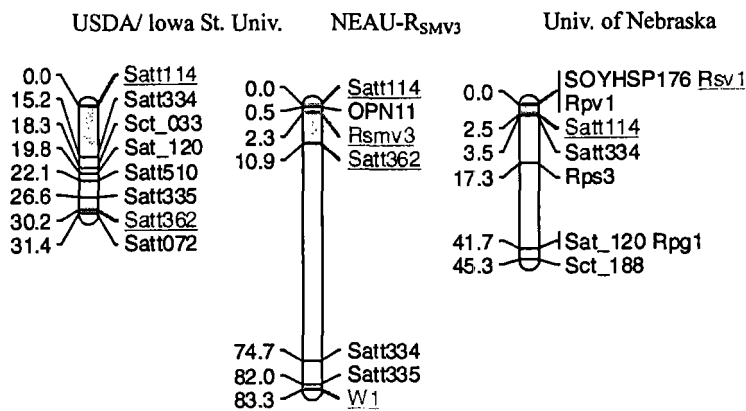


图 4 与 USDA / Iowa 州立大学和 Nebraska 大学发表的大豆遗传图谱 F 连锁群相应区域的比较  
Fig. 4 Comparison of the same area in linkage group F between the map of this study and public soybean genetic maps of USDA / Iowa universities and Nebraska universities

G1, 不同于 SMV 3 号株系, 但是二者可能紧密连锁。利用与抗病基因  $R_{SMV3}$  两侧紧密连锁的分子标记, 可以进行抗病基因分子标记辅助选择和抗病基因的克隆。也可以根据抗病基因簇的特点, 利用与已知抗病基因连锁的标记来定位新的抗病基因, 从而发现新的抗病基因。大豆抗病基因的连锁遗传或成簇存在, 有利于严格自交的大豆品种抗病性的稳定遗传, 而通过人工或天然杂交和自交过程中的基因重组, 又可聚集多个抗性基因, 并产生各种抗病基因组合的基因型, 以适应环境中不断变化的病原小种或株系<sup>[3]</sup>。

3.3 利用 Satt114 和 Satt362 进行 MAS 的可行性  
由单基因控制的质量性状标记辅助选择 (Marker Assisted Selection, MAS) 的选择效果主要取决于分子标记与目的基因间的连锁距离, 标记与目的基因的距离越近, 同源重组的机会越小, 选择的可靠性就越大<sup>[12]</sup>。本研究的 2 个标记与 SMV 3 号株系的抗病基因之间的遗传距离分别为 2.3cM、8.6cM, 可以用于分子标记辅助选择。

3.4 质量性状花色基因 W1 与  $R_{SMV3}$  和  $R_{sv1}$  的关系

Yu, Y. G. (1994) 指出: SMV 抗性和下胚轴颜色均是单显性基因控制的性状<sup>[13]</sup>, 而下胚轴颜色和花色是控制花苷色素形成的基因 W1 多效性表达的结果<sup>[25]</sup>, 将  $R_{sv1}$  和 W1 定位在 F 连锁群上, 二者与 RFLP 标记之间的连锁顺序和距离为  $R_{sv1} - 35.9 \text{ cM} - \text{pK2} - 13.4 \text{ cM} - \text{pK390} - 48.8 \text{ cM} - \text{W1}$ , 总计为 98.1cM。本研究定位的  $R_{SMV3}$  与 W1 之间的距离为 81.0cM, 而  $R_{SMV3}$  和  $R_{sv1}$  存在紧密连锁, 结果与 Yu 相似, 因此可以利用形态学标记——下胚轴颜色对抗病基因  $R_{SMV3}$  和  $R_{sv1}$  进行间接选择。标记与基因间距离的差异主要由于作图群体大小和遗传背景以及标记方法的不同造成的。

## 参 考 文 献

- 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): 225-228.
- 郑翠明, 常汝镇, 邱丽娟. 大豆对 SMV 3 号株系的抗性遗传分析及抗病基因的 RAPD 标记研究[J]. 中国农业科学, 2001, 34(1): 1-4.
- 东方阳. 大豆花叶病毒病抗性基因的遗传定位及科丰 1 号大豆 BAC 文库的构建[D]. 南京农业大学博士后出站报告, 2001.
- 王永军, 东方阳, 王修强, 等. 大豆 5 个花叶病毒株系抗性基因的定位[J]. 遗传学报, 2004, 31(1): 87-90.
- 东方阳. 大豆对 SMV 株系抗性的遗传分析和 RAPD 标记研究[D]. 南京农业大学博士学位论文, 1999.
- 向远道, 盖均镒, 马育华. 大豆对 4 个大豆花叶病毒株系的抗性遗传及其连锁遗传研究[J]. 遗传学报, 1991, 18(1): 51-58.
- 盖钧镒, 宋健主编. 我国大豆遗传改良和种质研究[M]. 中国科学技术前沿. 第五卷. 北京: 高等教育出版社, 2002, 629-691.
- 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研究[D]. 南京农业大学硕士学位论文, 2000.
- 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]. 南京农业大学硕士学位论文, 2002.
- 吴晓雷, 贺超英, 王永军, 等. 大豆遗传图谱的构建与分析[J]. 遗传学报, 2001, 28(11): 1051-1061.
- 郑翠明. 大豆对 SMV 3 株系的抗性遗传及分子标记研究[D]. 中国农业科学院博士学位论文, 2000.
- 刘秋水, 陆作樨. 水稻农林 8 号 m 苯达松敏感致死基因的初步定位[J]. 南京农业大学学报, 2004, 27(4): 17-19.
- Yu, Y. G., M. A. Saghai Maroof, G. R. Buss, et al. RFLP and microsatellite mapping of a gene for soybean mosaic virus resistance[J]. Phytopathology, 1994, 84: 60-64.
- Yu, Y. G., Buss, G. R., Saghai Maroof, M. A. Isolation of a superfamily of candidate disease resistance genes in soybean based on a conserved nucleotide binding site[J]. Proc. Natl Acad Sci USA, 1996, 93: 11751-11756.
- Jeong, S. C., Kristipati, S., Hayes, A. J. Genetic and sequence analysis of markers tightly linked to the soybean mosaic virus resistance gene  $R_{sv3}$ [J]. Crop Sci., 2002, 42: 265-270.
- Buss, G. R., Ma, G., Chen, P., Tolin, S. A. Registration of V94-5152 soybean germplasm resistant to soybean mosaic potyvirus[J]. Crop Sci., 1997, 37: 1987-1988.
- Hayes, A. J., Ma, G. R., Saghai Maroof, M. A.. Molecular marker mapping of  $R_{sv4}$ , a gene conferring resistance to all known strains of soybean mosaic virus[J]. Crop Sci., 2000, 40: 1434-1437.
- Michelmore, R. W., Paran, I., Kesseli, R. V. Identification of markers linked to disease resistance genes by bulked segregant analysis: A rapid method to detect markers in specific genomic region by using segregating population[J]. Proc Natl Acad Sci USA, 1991, 88: 9828-9832.
- Lander, E. S., P. Green, J. Abrahamson, A. Barlow, et al. Mapmaker: An interactive computer package for constructing primary genetic linkage maps of experimental and natural populations[J]. Genomics, 1987, 1: 174-181.
- Cregan, P. B. Targeted isolation of simple sequence repeat markers through the use of bacterial artificial chromosomes[J]. Theor. Appl. Genet., 1999, 98: 919-928.
- Alec J. Hayes, Guorong Ma, Glenn R. Buss, et al. Molecular Marker mapping of  $R_{sv4}$ , a gene conferring resistance to all known strains of soybean mosaic virus[J]. Crop Sci., 2000, 40: 1434-1437.
- Diers, B. W., L. Mansur, J. Imsande, and R. C. Shoemaker. Mapping phytophthora resistance loci in soybean with restriction fragment length polymorphism markers[J]. Crop Sci., 1992, 32:

377 – 383.

23 Roane, C. W., S. A. Tolin, and G. R. Buss. Inheritance of re  
action to two viruses in the soybean cross York × Lee68[ J ]. J.  
Hered., 1983, 74: 289 – 291.

24 Ashfield, T., J. R. Danz, D. Held, et al. Rpg1, a soybean  
gene effective against races of bacterial blight, maps to a cluster  
of previously identified disease resistance genes[ J ]. Theor. Appl.  
Genet., 1998, 96: 1013 – 1021.

25 Hartig, E. E., Hinson, K. Inheritance of flower color of soybeans  
[ J ]. Crop Sci., 1962, 2: 152 – 153.

IDENTIFICATION OF SSR MARKER LINKED TO THE RESISTANCE GENE OF SMV3 IN SOYBEAN

Teng Weili<sup>1</sup> Li Wenbin<sup>1</sup> Qiu Lijuan<sup>2</sup> Han Yingpeng<sup>1</sup> Zhao Guiyun<sup>1</sup>  
Guan Rongxia<sup>2</sup> Chang Ruzhen<sup>2</sup>

(1. Soybean Research Institute of North East Agricultural University, Key Laboratory  
of Soybean Biology Ministry of Education, Harbin 150030; 2. Crop Science Institute  
of Chinese Academy of Science, Beijing 100081)

**Abstract** Mapping for soybean mosaic virus (SMV) resistant gene in F<sub>2:5</sub> population derived from Zhongxuan 95 – 5117 × HB1 was carried out with simple sequence repeat (SSR) markers by modified bulked segregation analysis (BSA). Zhongxuan 95 – 5117 is resistant while HB1 is susceptible to SMV3 strain. SMV3 strain was inoculated on the parents and F<sub>2:5</sub> population. The results showed that the resistance of Zhongxuan 95 – 5117 to SMV3 strain was controlled by one pair of genes. Mapmaker/Exp3.0b was used to study the linkage between markers and the resistant gene. Linkage analysis indicated that the resistance gene was mapped on the linkage group F and was linked to two SSR markers Satt114 and Satt362 with distances of 2.3 cM and 8.6 cM, respectively. The orientation of the gene and markers was determined as Satt114 – 2.3 cM – RSMV3 – 8.6 cM – Satt362.

**Key words** Soybean; SMV; Resistant gene; SSR marker

欢迎订阅 2007 年《北方园艺》

《北方园艺》期刊是由黑龙江省农业科学院主管,黑龙江省园艺学会、黑龙江省农业科学院共同主办的以科学研究与技术相结合的大型综合性农业技术期刊,是我国园艺科技类核心期刊。本刊坚持以汇集园艺科技最新的技术成果为责任、荟萃园艺科技最好的佳篇新作为义务、传播园艺科技最快的致富信息为宗旨,以知识性、先进性、实用性为办刊特色。本刊内容丰富、栏目新颖、技术实用、信息全面。主要栏目:专题综述、设施园艺、栽培技术(菜园、果园、瓜园)、试验研究、园林花卉、储藏保鲜、植物保护、生物技术、食用菌类、经验之谈、农资信息等,涵盖园艺学的蔬菜、果树、瓜类、花卉、植保等研究的新技术、新品种、新经验。

本刊为双月刊,逢单月 15 日出版,大 16 开本 120 页内文,平订,彩四封及内插彩页印刷,每期 6.00 元,全年 36.00 元。全国各地邮局均可订阅。邮发代号 14 – 150,或直接向编辑部汇款订阅。竭诚欢迎全国各地科研院所研究人员、大专院校师生及各省、市、县、乡、镇农业技术推广人员、农民科技示范户,以及从事园艺生产的广大农民踊跃订阅,订阅时请在汇款单附言栏内写清订阅份数,收件人姓名及详细地址,邮编。

地址:哈尔滨市南岗区学府路 368 号 黑龙江省农业科学院(院内)

邮编:150086 电话:0451 – 86674276