

中国大豆花叶病抗源和抗性鉴别寄主的鉴定与评价

廖林¹, Rajcan Istvan¹, 陈鹏印², Buss Gleen³, Tolin Sue⁴, 杨振宇⁵, 董志敏⁵, 王曙明⁵

(1. Department of Plant Agriculture, University of Guelph, Guelph, ON, Canada; 2. Department of Crop, Soil and Environment Sciences, University of Arkansas, Fayetteville, AK, USA; 3. Department of Crop and Soil Environment Sciences, Virginia Tech, Blacksburg, VA, USA; 4. Department of Plant Pathology, Physiology, & Weed Science, Virginia Tech, Blacksburg, VA, USA; 5. 吉林省农业科学院 大豆研究中心, 吉林 长春 130033)

摘要: 收集大豆抗大豆花叶病(SMV)抗源和鉴别寄主40份,通过接种Cho和Goodman划分的抗大豆花叶病毒株系SMV G1-G7,了解这些材料对该株系的抗性反应。同时比较了其中部分材料对中国学者划分的SMV Sc1-Sc17株系的抗性反应。结果感病材料无论对SMV G1-G7株系,还是SMV Sc1-Sc17株系均表现感病;但是,齐黄1、科丰1、早18和8101等对SMV G1-G7株系均表现抗病的材料,对SMV Sc1-Sc17株系却表现出部分抗病;而另外一些材料,如:诱变30、徐豆1、文丰5、铁6915、齐黄10和Harosoy等对SMV G1-G7株系的抗性反应却与北美的鉴别寄主相同。结果表明:无论是对SMV G1-G7株系,还是对SMV Sc1-Sc17株系,抗病材料的抗性遗传基础是相似的;中国一些大豆花叶病毒株系的致病力强于国外的株系。因此,结合国外的SMV株系鉴定系统,创建一套统一的SMV株系鉴定系统是可行的。

关键词: 大豆;大豆花叶病(SMV);SMV株系;SMV株系鉴别寄主;SMV株系鉴定系统

中图分类号: S565.1

文献标识码: A

文章编号: 1000-9841(2010)06-0982-08

Evaluation of Resistance to Soybean Mosaic Virus (SMV) in Soybean Differentials and other Varieties from China

LIAO Lin¹, Istvan Rajcan¹, CHEN Peng-yin², Glenn Buss³, Sue Tolin⁴, YANG Zhen-yu⁵, DONG Zhi-min⁵, WANG Shu-ming⁵

(1. Department of Plant Agriculture, University of Guelph, Guelph, ON, Canada; 2. Department of Crop, Soil and Environment Sciences, University of Arkansas, Fayetteville, AK, USA; 3. Department of Crop and Soil Environment Sciences, Virginia Tech, Blacksburg, VA, USA; 4. Department of Plant Pathology, Physiology, & Weed Science, Virginia Tech, Blacksburg, VA, USA; 5. Soybean Research Institute, Jilin Academy of Agriculture Sciences, Changchun 130033, Jilin, China)

Abstract: Soybean mosaic virus (SMV) is one of the major diseases of soybean, which is transmitted through insect vectors. Forty soybean varieties including differentials used for strain identification of SMV were inoculated with the SMV strains G1-G7 as classified by Cho and Goodman. The resistance reactions of some soybean varieties and differentials to SMV strains G1-G7 were compared with their reaction to SMV strains Sc1-Sc17 as classified by Chinese researchers. Results showed that all susceptible lines exhibited the mosaic symptoms whether inoculated with strains SMV G1-G7 or SMV Sc1-Sc17. Varieties that supposed to be resistant to all SMV strains G1-G7, for example Qihuang 1, Kefeng 1, Zao18 and 8101, expressed resistance to some but not all of SMV strains Sc1-Sc17. In addition, the resistance reaction of other varieties such as Youbian 30, Xudou 1, Wenfeng 5, Tie 6915, Qihuang 10 and Harosoy, to SMV strains G1-G7 were similar to that expressed by the differential varieties York, Raiden or L 29. In conclusion, all varieties displayed a similar genetic basis for resistance to SMV whether they were inoculated with SMV G1-G7 or SMV Sc1-Sc17 strains; the virulence of SMV strains Sc1-Sc17 from China was greater than that of SMV strains G1-G7 from the US. The results suggest that it would be useful to create a uniform identification system of SMV strains by combining the differential varieties used for SMV strain identification from various countries.

Key words: Soybean; Soybean mosaic virus (SMV); SMV strains; SMV differentials; SMV strain identification system

大豆花叶病(SMV)是一种世界性的大豆病害,严重影响大豆的产量和外观品质。SMV是种传病害,其再侵染是靠介体—蚜虫的非持久性传播。因

此,目前除了通过防治蚜虫,间接达到减轻大豆花叶病的危害外,还没有一种有效的防治方法。而选育抗大豆花叶病的品种是迄今为止公认的最有效

收稿日期:2010-08-28

作者简介:廖林(1957-),女,研究员,从事大豆遗传育种及抗性机理研究。E-mail:liao@uoguelph.ca。

通讯作者:王曙明,研究员。E-mail:shumingw@263.net。

的防治方法。

选育抗大豆花叶病品种的关键是获得优秀的抗源亲本。然而,由于不同地区抗性鉴定系统的差异,导致育种者对一些优秀抗源遗传背景认识的局限性,很难开展抗性资源的交流、引用。目前除了中国的几套 SMV 株系鉴定系统外,还有美国 Cho 和 Goodman 的 SMV G1-G7 株系鉴定系统和日本田中等人的 SMV A-E 株系鉴定系统^[1]。由于不了解我国优秀抗源对国外抗性鉴定系统中的 SMV 株系的抗性反应,因此很难比较这些抗源与国外抗源的抗性差异,更谈不上抗源的交流和引用。在美国 Marshall 是一个很好的抗源,引进后并用其作为抗性亲本配制了杂交组合。在后代的抗性鉴定和选择中,发现了一些坏死株。然而,在后来成为大豆品种“吉林 24”的株系选择中却从未发现过坏死株。吉林 24 审定推广后,由于它的无限接荚习性,使其植株高大、抗逆性强、稳产性好,在吉林省的中西部很受欢迎。但是在推广过程中,由于坏死株的出现,给生产造成了一定的损失,致使该品种很快夭折。显然,了解所用抗源亲本的遗传基础是抗病育种成败的关键,而抗性鉴定体系是掌握抗源遗传

基础的根本措施。因此,如果在构建全国统一的 SMV 株系鉴定体系的同时,能够兼顾国外的 SMV 株系鉴定体系,即使不能形成一套世界统一的 SMV 株系鉴定体系,对抗大豆花叶病育种工作也会有所帮助和借鉴。该文收集美国、日本和我国的优秀抗源和鉴别寄主 40 份,接种美国 Cho 和 Goodman 的 SMV G1-G7 株系^[2],以了解我国抗源对这套鉴定株系的抗性反应以及我国抗源与国外一些抗源的抗性异同性。同时,希望能对正在构建的全国统一的 SMV 株系鉴定体系提供一定的理论依据。

1 材料与方法

1.1 供试材料

1.1.1 大豆抗源和鉴别寄主 从南京农业大学、山东省农业科学院、吉林省农业科学院、黑龙江省农业科学院、辽宁省农业科学院、铁岭市农业科学院、中国科学院遗传研究所以及美国弗吉尼亚理工大学、日本农林水产研究中心等,收集大豆抗源和鉴别寄主 40 份(表 1)。有些抗源因种子量少,在防虫网室中扩繁,以保证每份材料有足够的种子。

表 1 大豆抗大豆花叶病(SMV)的抗源和鉴别寄主
Table 1 Soybean varieties and differentials for resistance to soybean mosaic virus (SMV)

抗源和鉴别寄主 Resistant Varieties & Differentials	材料来源 Resouces
南农 1138-2 Nannong 1138-2	南京农业大学 Nanjing Agricultural University
南农 493-1 Nannong 493-1	南京农业大学 Nanjing Agricultural University
南农 133-3 Nannong 133-3	南京农业大学 Nanjing Agricultural University
Lee 68 *	弗吉尼亚理工大学 Virginia Polytechnic Institute & State University
Essex *	弗吉尼亚理工大学 Virginia Polytechnic Institute & State University
合丰 25 Hefeng 25	黑龙江省农业科学院 Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences
PI507389 *	弗吉尼亚理工大学 Virginia Polytechnic Institute & State University
合丰 23 Hefeng 23	黑龙江省农业科学院 Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences
铁 6915 Tie 6915	铁岭市农业科学院 Tieling Academy of Agricultural Sciences
齐黄 10 Qihuang 10	山东省农业科学院 Shandong Academy of Agricultural Sciences
科系 8 Kexi 8	中国科学院遗传研究所 The Institute of Genomic Research, CAAS
十胜长叶 Shishengchangye	日本农林水产研究中心 Japan International Research Centre of Agric. Sci.
奥雨 13 Auyu 13	日本农林水产研究中心 Japan International Research Centre of Agric. Sci.
白豆 Baidou	日本农林水产研究中心 Japan International Research Centre of Agric. Sci.
Raiden	弗吉尼亚理工大学 Virginia Polytechnic Institute & State University
Odgen	弗吉尼亚理工大学 Virginia Polytechnic Institute & State University
Kwanggyo	弗吉尼亚理工大学 Virginia Polytechnic Institute & State University
文丰 5 Wenfeng 5	山东省农业科学院 Shandong Academy of Agricultural Sciences
徐豆 1 Xudou 1	山东省农业科学院 Shandong Academy of Agricultural Sciences
诱变 30 Youbian 30	中国科学院遗传研究所 The Institute of Genomic Research, CAAS

(续表 1)

抗源和鉴别寄主 Resistant Varieties & Differentials	材料来源 Resources
York *	弗吉尼亚理工大学 Virginia Polytechnic Institute & State University
Harosoy	弗吉尼亚理工大学 Virginia Polytechnic Institute & State University
辽 81-5017 Liao 81-5017	辽宁省农业科学院 Liaoning Academy of Agricultural Sciences
L 29 * L 29 *	弗吉尼亚理工大学 Virginia Polytechnic Institute & State University
齐黄 1 Qihuang 1	山东省农业科学院 Shandong Academy of Agricultural Sciences
大白麻 Dabaima	吉林省农业科学院 Jilin Academy of Agricultural Sciences
齐黄 22 Qihuang 22	山东省农业科学院 Shandong Academy of Agricultural Sciences
鲁豆 4 Ludou 4	山东省农业科学院 Shandong Academy of Agricultural Sciences
科丰 1 Kefeng 1	中国科学院遗传研究所 The Institute of Genomic Research, CAAS
早 18 Zao18	中国科学院遗传研究所 The Institute of Genomic Research, CAAS
8101	中国科学院遗传研究所 The Institute of Genomic Research, CAAS
公安 88RD20-2 Gongjiao 88RD20-2	吉林省农业科学院 Jilin Academy of Agricultural Sciences
灌水铁荚青 Guanshuitiejiaqing	吉林省农业科学院 Jilin Academy of Agricultural Sciences
山东 84037 Shandong 84037	山东省农业科学院 Shandong Academy of Agricultural Sciences
鲁豆 10 Ludou 10	山东省农业科学院 Shandong Academy of Agricultural Sciences
哈 88-7704 Ha 88-7704	黑龙江省农业科学院 Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences
Suweon 97	弗吉尼亚理工大学 Virginia Polytechnic Institute & State University
PI 486355	弗吉尼亚理工大学 Virginia Polytechnic Institute & State University
V 94-5152 *	弗吉尼亚理工大学 Virginia Polytechnic Institute & State University
PI 96983 *	弗吉尼亚理工大学 Virginia Polytechnic Institute & State University

* 该试验中用的鉴别寄主。Differentials used in the experiment.

1.1.2 SMV 株系 Cho 和 Goodman 的 SMV G1-G7 株系由弗吉尼亚理工大学植物病理、植物生理和种子科学系提供。SMV G1-G3 株系在大豆品种 Lee 68 上繁殖;SMV G5-G7 株系在大豆品种 York 上繁殖。同时种植鉴别寄主 Lee 68、Essex、York、PI 96983、PI 507389、V 94-5152 和 L 29 (表 1、2 中划 * 号者)。接种液配制之前,将繁殖在 Lee 68 和 York 上的 SMV G1-G7 株系分别接种到该套鉴别寄主上。发病显症后,观察这些株系的抗、感反应是否与扩繁前的相一致。以确保接种各个株系的纯度和试验结果的准确性。

1.2 试验方法

所有试验材料在温室中分 4 批盆播,每 10 份材料一批。每份材料播 24 盆,每盆中播 12~15 粒种子。真叶展开后去掉劣株,每盆留苗 8~10 株。采用人工摩擦接种法接种^[3]。每份试验材料分别接种 SMV G1-G3 和 SMV G5-G7 株系,每个株系接种 4 盆,30 株以上。每批均将 SMV G1-G3 和 SMV G5-G7 株系分别接种到鉴别寄主 Lee 68、Essex、York、PI 96983、PI 507389、V 94-5152 和 L 29 上作为对照。温室温度保持在 20~30℃ 之间。接种液的制备参考 Roane 等的方法^[3]。

1.3 症状调查和数据统计

接种后每隔 8 d 调查 1 次发病症状,共计调查 4 次。最后统计调查结果,分析各试验材料对各个 SMV 株系的抗、感反应。无症状反应或者仅在接种叶上出现坏死斑为抗病(R);典型的花叶症状反应为感病(S);系统枯斑或顶枯为坏死(N)。

对症状表现不典型的植株以及绝大多数植株表现抗病、仅有 2~3 株表现感病的植株取样,另外对每份材料随机挑选 5 株有症状和无症状的植株取样,进行酶联免疫吸附试验(ELISA)^[4],阴性反应为抗病。绝大多数材料表现为全感、全抗、抗或坏死。只有个别品种,如铁 6915 接种 SMV G1 株系时 35 株中有 4 株表现感病,接种 SMV G2 株系时 32 株中有 2 株感病,ELISA 检测仍然表现阳性。对这样的材料,将其归类为抗病(表 2)。对抗和坏死株同时存在的材料,抗病株占大多数,仅有少数坏死株的材料归为抗病;反之,坏死株占大多数,抗病株仅有几株的材料归为坏死。没有发现抗病和坏死各占一半的材料。另外,合丰 25 接种 SMV G1、G2、G5 和 G6 株系,PI 507389 接种 SMV G2 和 G5 株系后,开始表现坏死症状,以后逐步发展为感病的花叶症状(表 2)。

表 2 大豆抗源和鉴别寄主对 SMV G1-G7 株系的抗性反应

Table 2 Resistance reaction of soybean varieties and differentials to SMV G1-G7 Strains

大豆品种和鉴别寄主 Soybean varieties and differentials	大豆花叶病毒株系 G1-G7 (Cho 和 Goodman) Soybean mosaic virus strains from G1 to G7 (Cho and Goodman)					
	SMV G1	SMV G2	SMV G3	SMV G5	SMV G6	SMV G7
南农 1138-2 Nannong 1138-2	S *	~ * * *	S	S	S	S
南农 493-1 Nannong 493-1	S	S	S	S	S	S
南农 133-3 Nannong 133-3	S	S	S	S	S	S
Lee 68 *	S	S	S	S	S	S
Essex *	S	S	S	S	S	S
合丰 25 Hefeng 25	N-S	N-S	S	N-S	N-S	S
PI507389 *	N	N-S	S	N-S	N	S
合丰 23 Hefeng 23	S	S	S	N	S	S
铁 6915 Tie 6915	R	R	R	S	N	S
齐黄 10 Qihuang 10	N	R	R	S	S	S
科系 8 Kexi 8	S	R	S	S	S	S
十胜长叶 Shishengchangye	S	S	S	S	S	N
奥雨 13 Auyu 13	R	R	R	N	N	R
白豆 Baidou	S	S	S	S	S	R
Raiden	R	R	R	N	N	R
Odgen	R	R	N	R	R	N
Kwanggyo	R	R	R	N	N	N
文丰 5 Wenfeng 5	R	R	R	S	S	S
徐豆 1 Xudou 1	R	R	R	S	S	S
诱变 30 Youbian 30	R	R	R	S	S	S
York *	R	R	R	S	S	S
Harosoy	S	S	S	R	R	R
辽 81-5017 Liao 81-5017	S	~	S	~	~	R
L 29 *	S	S	S	R	R	R
齐黄 1 Qihuang 1	R	R	R	R	R	R
大白麻 Dabaima	R	R	R	R	R	R
齐黄 22 Qihuang 22	R	R	R	R	R	R
鲁豆 4 Ludou 4	R	R	R	R	R	R
科丰 1 Kefeng 1	R	R	R	R	R	R
早 18 Zao18	R	R	R	R	R	R
8101	R	R	R	R	R	R
公交 88RD20-2 Gongjiao 88RD20-2	R	R	R	R	R	R
灌水铁荚青 Guanshuitiejiaqing	R	R	R	R	R	R
山东 84037 Shandong 84037	R	R	R	R	R	R
鲁豆 10 Ludou 10	R	R	R	R	R	R
哈 88-7704 Ha 88-7704	R	R	R	R	R	R
Suweon 97	R	R	R	R	R	R
PI 486355	R	R	R	R	R	R
V 94-5152 *	R	R	R	R	R	R
PI 96983 *	R	R	R	R	R	N

* 该试验中用的鉴定寄主 Differentials used in the experiment.

** R: 无症状或仅在接种叶上出现坏死斑; Symptomless or local necrotic lesions on the inoculated leaves;

N: 系统坏死或顶枯; Systemic local necrosis or stem tip necrosis;

S: 典型的花叶症状 Typical mosaic.

*** 无接种鉴定 Non-inoculated.

2 结果与分析

2.1 参试抗源和鉴别寄主对 SMV G1-G7 株系的抗性反应

40 份参试材料对 Cho 和 Goodman 的 SMV G1 ~ G3 和 SMV G5 ~ G7 株系的抗性反应见表 2。显然, 在中国的 SMV 株系鉴定体系中用作感病的寄主, 如南农 1138-2、南农 493-1 和南农 133-3 与 Lee 68 和 Essex(在 Cho 和 Goodman 的 SMV 株系鉴定系统中为感病寄主)一样对 SMV G1-G3 和 SMV G5-G7 株系也表现感病。经常使用的一些抗源或鉴别寄主, 如齐黄 1、鲁豆 4 和科丰 1 等对 SMV G1-G3 和 SMV G5-G7 株系均表现抗病。这与北美的抗源 PI 486355、Suwen 97 和 V 94-5152 等一致。而另外一些经常使用的抗源和鉴别寄主, 如诱变 30、徐豆 1、文丰 5、铁 6915、齐黄 10 和 Harosoy 等对 SMV G1-G3 和 SMV G5-G7 株系的抗性反应却与北美的鉴别寄主或 York 相同, 或 Raiden 相同, 或 L 29 相同。这表明我国所应用的抗源和鉴别寄主与 Cho 和 Goodman 使用的鉴别寄主以及一些北美常用抗源的遗传基础有很大的相同性。而 Cho 和 Goodman 的这套抗性鉴别寄主对我国统一抗性鉴定体系的建立也有很好的借鉴之处。

2.2 参试抗源和鉴别寄主对 SMV Sc1 - Sc17 株系的抗性反应

根据王修强、杨雅麟、王延伟、郭东权及战勇等的研究结果^[5-9], 将部分参试材料对中国 SMV 株系 Sc1 - Sc17 的抗性反应进行了归纳(表 3), 其中划 * 号者为 SMV Sc1-Sc17 株系鉴定系统中的鉴别寄主。显然, 感病的鉴别寄主, 如南农 1138-2、南农 493-1 和南农 133-3 等对接种的 SMV Sc1 - Sc17 株系仍然表现感病。但是, 对 Cho 和 Goodman 的 SMV G1-G3 和 SMV G5-G7 株系均表现抗病的抗源和鉴别寄主, 如齐黄 1、齐黄 22、科丰 1、早熟 18 和 8101 等对中国 SMV 株系 Sc1 - Sc17 却没有表现出全部抗病。虽然齐黄 22 对接种的 SMV 株系 Sc1 - Sc17 均表现抗病, 但是该品种没有接种 SMV Sc9、Sc10、Sc14 和 Sc15 株系, 所以不清楚该品种对这几个株系的抗性反应。

同样的抗源对北美 Cho 和 Goodman 划分的 SMV 株系表现全部抗性反应, 而对我国的 SMV Sc1 - Sc17 株系却表现部分抗性反应。这表明, 由于我国大豆种植地域比较辽阔, 因此大豆花叶病在与大豆的共同生存中就会分划出更多的株系, 这些株系的致病力会有所差异, 而有些株系的致病力会比较强。这与许志刚等的报道相吻合^[10]。

表 3 大豆抗源和鉴别寄主对 SMV Sc1-Sc17 株系的抗性反应

Table 3 Resistance reaction of soybean varieties and differentials to SMV Sc1-Sc17 Strains

大豆品种和鉴别寄主 Soybean varieties and differentials	大豆花叶病毒株系 Sc1-Sc17 (中国) Soybean mosaic virus strains from Sc1 to Sc17 (China)																
	Sc1	Sc2	Sc3	Sc4	Sc5	Sc6	Sc7	Sc8	Sc9	Sc10	Sc11	Sc12	Sc13	Sc14	Sc15	Sc16	Sc17
南农 1138-2 * Nannong 1138-2 *	S * *	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S		
南农 493-1 Nannong 493-1	S	S	S	S	S	S	S	S									
合丰 25 * Hefeng 25 *	S	S	S	S	S	S	S	S			S	S	S			S	S
科系 8 Kexi 8	S	S	S	S	S	S	S	S									
Odgen	S	S	S	S	S	S	S	S									
Kwanggyo *	R	R	R	R	R	R	R	S	S	R	R	R	N/S	R	S	R	N
文丰 5 * Wenfeng 5 *	S	R	S	S	R	R	S	S									
徐豆 1 Xudou 1	R	R	R	R	R	R	R	S									
诱变 30 * Youbian 30 *	R	S	S	S	S	S	S	S	S	S	R	R	S	R	S	R	S
齐黄 1 Qihuang 1	R	R	R	R	R	R	R	R	S	S	R	R	R	R	R	R	S
大白麻 Dabaima	R	R	R	R	R	R	R	R									
齐黄 22 * Qihuang 22 *	R	R	R	R	R	R	R	R			R	R	R			R	R
科丰 1 * Kefeng 1 *	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	S	S	R	S
早 18 * Zao18 *	R	R	R	R	R	R	S	S	S	S	R	R	R	R	S	R	S
8101 *	R	R	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
鲁豆 10 Ludou 10	R	R	R	R	R	R	R	S									

* SMV Sc1-Sc17 鉴定系统中的鉴别寄主。Differentials in identification system of SMV Sc1-Sc17.

** R: 无症状或仅在接种叶上出现坏死斑; Symptomless or local necrotic lesions on the inoculated leaves;

N: 系统坏死或顶枯; Systemic local necrosis or stem tip necrosis;

S: 典型的花叶症状。Typical mosaic.

3 讨论

3.1 优秀抗源的交流、引进和利用

抗病育种的关键是拥有优秀的抗源材料,而抗源材料的交流和引进是育种者获得抗源的主要途径之一。对大豆花叶病来说,由于各地的 SMV 株系划分体系的不一致,致使不同划分体系的 SMV 株系之间的致病力异同性不清楚;又由于 SMV 株系与大豆品种之间互作的特异关系,导致抗源材料在交流、引进和利用上存在很大的难度。该文鉴定的抗源就存在这样的问题,例如,齐黄 1,齐黄 22,科丰 1 和早熟 18 等,是我国各地选育出的优秀抗病品种,但是并没有表现出抗所有 SMV Sc1 - Sc17 株系。这就告诫我们在引进抗源时一定要慎重,首先,要清楚抗源引入地区 SMV 株系的分布情况,明确该地区都有哪些 SMV 株系存在,哪些是强毒株系,哪些是主要流行株系;其次,了解引入抗源是否具有对该地区存在株系,尤其是强毒株系和主要流行株系的抗病性;再者还要知道引入抗源的抗性遗传基础,其抗性是由单基因控制,还是由几个基因控制。一般来说,具有多个基因控制的抗性要更稳定些。大豆品种和 SMV 株系之间是一种相辅相成的关系。单一的、针对流行株系的抗源的长期应用,虽然控制了流行株系的蔓延,然而在流行株系得到控制的同时,弱势株系就会发展,逐渐成为流行株系。而抗病育种是需要较长时间的,一般 7 ~ 10 a。因此,当新的抗病品种推广时,由于流行株系的变化,抗性不会持续很长时间。所以,必须引用含有不同抗性基因的、抗不同 SMV 株系的抗源作亲本来选育抗病品种,并且间隔性的推广,以控制大豆花叶病的猖獗发生。

3.2 SMV 株系划分体系

不考虑美国和日本等国家的 SMV 株系划分系统,仅我国就有江苏、东北、湖北、山东和黄淮及长江中下游等 5 套 SMV 株系鉴定体系^[1]。这些体系区域性强、实用,为各地区的抗大豆花叶病育种起到了很大的作用。然而,也正是这些鉴定体系的区域性的局限,阻碍了地理远源的抗病亲本的交流和引用,以及一些适应性好的优秀抗病品种的跨区推广。因此,各地区一旦确定引用外来抗病种质,就必须进行大量的抗性鉴定、筛选及抗性遗传研究等前期工作。不仅浪费了人力和物力,更主要的是推迟了抗性品种的选育和推广年限。据报道,在国家自然科学基金的资助下,由南京农业大学牵头构建的全国统一的 SMV 株系鉴定体系已具雏形^[11-15],通过进一步的完善和推广,将逐步取代各地的鉴定系统,在大豆育种研究和生产上发挥作用。

目前,一些大的种子企业已经将他们的作物品

种推广到了世界各地,比如:玉米。虽然大豆和玉米不同,由于其自身的种性,制约了它的广泛适应性。但是,随着科学技术的发展,大豆品种的适应性会逐步拓宽。如目前开展的大豆产量 QTL 的异地表达研究,跨大陆间的品种选育^[16,17]以及大豆种质资源的国际间交流等。因此,如果在创建全国统一的 SMV 株系鉴定体系的同时,兼顾国外的 SMV 株系鉴定体系,对他们的 SMV 株系和鉴别寄主进行一些鉴定和比较,从中发现一些共性的联系。即使目前还不能构建全球统一的 SMV 株系鉴定系统,但是对我国统一的 SMV 株系鉴定系统的补充和完善也是很有帮助的。试想如果已经清楚了国外 SMV 株系与我国统一的 SMV 株系鉴定体系中的 SMV 株系的异同关系,一旦要引进外国抗源,只要清楚了引入抗源对外国 SMV 株系的反应,就会很容易的掌握这些抗源的遗传基础,并加以利用。从而免去了大量的抗性鉴定和遗传研究工作。

目前,许多学者们对 SMV 株系划分进行了大量的分子水平上的研究。例如,对植物病毒 CP 基因的扩增产物进行的测序,比较核苷酸和氨基酸序列的同源性等,并且已经证明不同株系的本质区别反映在 RNA 碱基序列上,通过比较不同株系的 RNA 碱基序列或所编码的蛋白质的氨基酸序列的同源性的差别就可精确的鉴别株系^[18-21]。但是,这一同源性差别的阈值却不易确定。因此,如何将序列同源性比较应用于株系的划分目前还没有一个可行的方法^[22]。

可见,利用鉴别寄主进行 SMV 株系鉴定仍然是一个有效的方法。所以,兼顾国外的抗性鉴定系统建立一个全国,乃至全球统一的 SMV 株系鉴定体系是很有意义的。由于这套鉴定系统可以摒弃一些多余的或重复的鉴别寄主和株系,简化了它们之间的互作反应,从而对将来分子水平的 SMV 株系划分系统的构建也会有所借鉴。

3.3 抗源和鉴别寄主的遗传基础研究

迄今为止我国已对许多抗源和鉴别寄主进行了遗传研究。王永军、王修强、战勇、郭东权等^[11-14]对科丰 1 的研究表明,该品种对 SMV 株系 Sa、N1、N3、Sc7、Sc8、Sc9 和 Sc13 的抗性均受 1 对显性基因控制,分别为 *Rsa*、*Rn1*、*Rn3*、*Rsc7*、*Rsc8*、*Rsc9* 和 *Rsc13*。李海朝等^[15]对邳县茶豆、大白麻、齐黄 22、诱变 30、PI 96983 和 Kwanggyo 等的研究表明,它们对 SMV Sc11 株系的抗性也是由 1 对显性基因控制的。另外,陈怡、孙志强、廖林和栾晓燕等^[23-26]利用当地的 SMV 株系鉴定系统对一些优秀抗源进行的遗传研究表明,抗性或由 1 对显性基因控制或由 1 对隐性基因控制或由 2 对互补基因控制。

与此同时,一些学者还利用 Cho 和 Goodman 的 SMV 株系鉴定系统对一些中国优秀抗源和鉴别寄

主进行了抗性遗传研究。王义等^[27]研究了徐豆1、大白麻、科丰1和丰收黄等4个品种对SMV G1株系的抗性反应,结果表明均由1对显性基因控制。丰收黄的抗性基因为*Rsv1*,而徐豆1、大白麻和科丰1的抗性基因不在*Rsv1*位点上。郑翠明等^[28]研究了J05对SMV G1和G7株系的抗性反应,结果表明,J05对SMV G1和G7株系的抗性反应是由2对显性基因*Rsv1*和*Rsv3*控制的。廖林等^[29-30]研究了早18和8101对SMV G1和G7株系的抗性反应,其结果表明早18也含有2个抗性基因*Rsv1*和*Rsv3*,与J05不同的是早18含有的抗性基因*Rsv1*是该位点的等位基因*Rsv1y*。而8101对SMV G1和G7株系的抗性却是由3对显性基因*Rsv1*、*Rsv3*和*Rsv4*控制的。

目前,中、外学者已发现了10个抗性基因。其中*Rsa*、*Rn1*、*Rn3*、*Rsc7*、*Rsc8*、*Rsc9*和*Rsc13*等7个抗性基因是利用SMV Sc1-Sc17和SMV 1-3株系划分系统鉴定和命名的,并且这些基因均位于N8-D1b+W连锁群上^[11-15]。而*Rsv1*、*Rsv3*和*Rsv4*基因是利用SMV G1-G7株系划分系统鉴定和命名的^[31-35],现已研究表明*Rsv1*基因位于F连锁群上^[36,37],*Rsv3*基因位于B2连锁群上^[37,38],*Rsv4*基因位于D1b连锁群上^[35]。然而,由于所用的SMV株系划分系统以及基因标记技术的不同,即使已定位于同一个连锁群上的抗性基因,也很难了解和比较它们的异同。可见,这进一步强调了在构建全国统一的SMV株系鉴定系统的同时,兼顾国外SMV株系鉴定系统的重要性。

作者对同一抗源接种来自不同SMV株系鉴定系统的SMV株系进行了比较。王勇军、李海朝等^[11-15]将科丰1和大白麻接种了SMV Sc1-Sc17株系鉴定系统中的一些株系的结果表明,这2个品种对这些株系的抗性是由1对显性基因控制的。而王义等^[27]将这2个抗源接种了SMV G1-G7株系鉴定系统中的SMV G1株系,结果抗性也是由1对显性基因控制的。这进一步证明无论接种Cho和Goodman划分的SMV G1-G7株系,还是接种中国学者划分的SMV Sc1-Sc17株系,抗源和鉴别寄主的抗性遗传基础是相似的。另外,该试验鉴定的40份抗源和鉴别寄主几乎包括了所有上述已进行抗性遗传研究的抗源和SMV Sc1-Sc17株系鉴定系统中的鉴别寄主。就是说,我们已经清楚了这些抗源和鉴别寄主对Cho和Goodman的SMV株系划分系统中的SMV G1-G7株系的抗性反应。如果在构建统一的SMV株系鉴定系统的同时,参考这些数据,必要时引进Cho和Goodman的这套SMV株系鉴定系统,就会创建一套应用意义更大的SMV株系划分系统。

国外已发现的3个抗SMV基因*Rsv1*、*Rsv3*和

*Rsv4*均在中国品种上得到认证。而且一些抗源的血缘分析表明,这几个抗性基因有可能源于中国祖先品种^[30]。因此,结合国外抗SMV株系鉴定体系,建立一个统一的SMV株系划分系统不仅对抗源的交流和利用有益处,同时对了解抗源基因是否始于中国也是很有意义的。

参考文献

- [1] 智海剑,盖钧镒. 大豆花叶病毒及抗性遗传的研究进展[J]. 大豆科学,2006,25(2):174-180. (Zhi H J, Gai J Y. Advances in the studies on soybean mosaic virus [J]. Soybean Science, 2006, 25 (2): 178-180.)
- [2] Cho E K, Goodman R M. Strains of soybean mosaic virus: classification based on virulence in resistant soybean cultivars[J]. Phytopathology, 1979, 69: 467-470.
- [3] Roane C W, Tolin S A, Buss G R. Inheritance of reaction to two viruses in the soybean cross 'York' × 'Lee 68' [J]. The Journal of Heredity, 1983, 74: 289-291.
- [4] Srinivasan I, Tolin S A. Detection of three viruses of clovers by direct tissue Immunoblotting [J]. Phytopathology, 1992, 82: 721.
- [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的鉴定与分布[J]. 大豆科学,2003,22(2):102-107. (Wang X Q, Gai J Y, Pu Z Q. Classification and distribution of strain groups of soybean mosaic virus in middle and lower Huang-huai and Changjiang valleys [J]. Soybean Science, 2003, 22 (2): 102-107.)
- [6] 杨雅麟. 长江中下游地区大豆花叶病毒株系组成分布及抗性研究[D]. 南京:南京农业大学,2003. (Yang Y. Classification and distribution of strains of soybean mosaic virus in the middle and lower Changjiang river valleys and the resistance to soybean mosaic virus in soybean [D]. Nanjing: Nanjing Agricultural University, 2000.)
- [7] 王延伟,智海剑,郭东权,等. 中国北方春大豆区大豆花叶病毒株系的鉴定和分布[J]. 大豆科学,2005,24(4):264-268. (Wang Y W, Zhi H J, Guo D Q, et al. Classification and distribution of strain groups of soybean mosaic virus in Northern China Spring planting soybean region [J]. Soybean Science, 24 (4): 264-268.)
- [8] 郭东权,智海剑,王延伟,等. 黄淮中北部大豆花叶病毒株系的鉴定和分布[J]. 中国油料作物学报,2005,27(4):64-68. (Guo D Q, Zhi H J, Wang Y W, et al. Identification and distribution of soybean mosaic virus strains in Middle and Northern Huang-huai region of China [J]. Chinese Journal of Oil Crop Sciences, 2005, 27(4): 64-68.)
- [9] 战勇,智海剑,喻德跃,等. 黄淮地区大豆花叶病毒株系的鉴定与分布[J]. 中国农业科学,2006,39(10):2009-2015. (Zhan Y, Zhi H J, Yu D Y, et al. Identification and distribution of SMV strains in Huang-huai valleys [J]. Scientia Agricultura Sinica, 2006, 39(10): 2009-2015.)
- [10] 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. (Xu Z G, Goodman R M, Polston J E. Identification of strains of soybean mosaic virus [J]. Journal of Nanjing Agricultural College, 1983, 3: 36-40.)
- [11] 王修强,盖钧镒,喻德跃. 广谱抗源科丰1号对大豆花叶病毒强毒株系群Sc8抗性的遗传研究[J]. 大豆科学,2003,22

- (3):190-192. (Wang X Q, Gai J Y, Yu D Y. Inheritance of resistance to the SMV strain group Sc-8 in Kefeng No. 1 [J]. Soybean Science, 2003, 22(3): 190-192.)
- [12] 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. (Wang Y J, Dongfang Y, Wang X Q, et al. Mapping of five genes resistant to SMV strains in soybean [J]. Acta Genetica Sinica, 2004, 31(1): 87-90.)
- [13] 战勇, 喻德跃, 陈受宜, 等. 大豆对 SMV Sc7 株系群的抗性遗传和定位[J]. 作物学报, 2006, 32(6): 936-938. (Zhan Y, Yu D Y, Chen S Y, et al. Inheritance and gene mapping of resistance to SMV strain Sc-7 in soybean [J]. Acta Agronomica Sinica, 2006, 32(6): 936-938.)
- [14] 郭东权, 王延伟, 智海剑, 等. 大豆对 SMV Sc13 株系群的抗性遗传及基因定位的研究[J]. 大豆科学, 2007, 26(1): 21-24. (Guo D Q, Wang Y W, Zhi H J, et al. Inheritance and gene mapping of resistance to SMV strain group Sc-13 in soybean [J]. Soybean Science, 2007, 26(1): 21-24.)
- [15] 李海朝, 智海剑, 白丽, 等. 大豆对 SMV 株系 Sc11 的抗性遗传及抗病基因的定位性研究[J]. 大豆科学, 2006, 25(4): 365-368. (Li H C, Zhi H J, Bai L, et al. Studies on inheritance and allelism of resistance genes to SMV strain Sc-11 in soybean [J]. Soybean Science, 2006, 25(4): 365-368.)
- [16] Palomeque L, Liu L J, Li W B. QTL in mega environments: I. Universal and specific seed yield QTL detected in a population derived from a cross of high-yielding adapted \times high-yielding exotic soybean lines[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2009, 119: 417-427.
- [17] Palomeque L, Liu L J, Li W B. QTL in mega environments: II. Agronomic traits QTL co-localized with seed yield QTL detected in a population derived from a cross of high-yielding adapted \times high-yielding exotic soybean lines[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2009, 119: 429-436.
- [18] Jayaram C H, Hill J H, Allen M W. 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.
- [19] 王延伟, 智海剑, 郭东全, 等. 致病性不同的大豆花叶病毒分离物外壳蛋白的基因序列分析[J]. 中国油料作物学报, 2006, 28(4): 523-528. (Wang Y W, Zhi H J, Guo D Q, et al. The sequence analysis of coat protein (CP) gene of soybean mosaic virus (SMV) isolates with different virulence[J]. Chinese Journal of Oil Crop Sciences, 2006, 28(4): 523-528.)
- [20] 董宏平, 程宁辉, 濮祖芹. 大豆花叶病毒株系外壳蛋白基因的部分序列分析[J]. 南京师范大学学报(自然科学版), 1998, 21(3): 67-71. (Dong H P, Cheng N H, Pu Z Q. Cloning and partial sequencing of coat protein gene of soybean mosaic virus (the Sc Strain of SMV) [D]. Journal of Nanjing Normal University (Natural Science), 1998, 21(3): 67-71.)
- [21] 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. (Chen J, Li H Y, Shang Y F, et al. Biological characterization and sequence analysis of soybean mosaic virus of Chinese Huanghuai 5 Strain [J]. Chinese Journal of Virology, 2002, 9(3): 270-274.)
- [22] 施农农, 陈建平. 应用单链构象多态性-聚合酶链反应研究我国大小麦黄花叶病毒株系分化[J]. 中国病毒学, 1996, 11(2): 170-175. (Shi N N, Chen J P. Detection of barley yellow mosaic virus strain, variations in china by examining single-strand conformation polymorphisms of RT-PCR products. Virologica Sinica, 1996, 11(2): 170-175.)
- [23] 孙志强, 刘玉芝, 孙大敏, 等. 大豆对大豆花叶病毒 1、2 和 3 号株系的抗性遗传[J]. 中国油料, 1990(3): 223-226. (Sun Z Q, Liu Y Z, Sun D M, et al. Inheritance of resistance to SMV strains 1. 2. 3 in soybean [J]. Chinese Journal of Oil Crop Sciences, 1990(3): 223-226.)
- [24] 陈怡, 栾晓燕, 黄乘运, 等. 大豆对两个大豆花叶病毒株系的抗性遗传研究[J]. 黑龙江农业科学, 1991(5): 21-24. (Chen Y, Luan X Y, Huang C Y, et al. Study on the inheritance of resistance to SMV two strains in soybean [J]. Heilongjiang Agricultural Sciences, 1991(5): 21-24.)
- [25] 廖林, 刘玉芝, 孙大敏, 等. 大豆花叶病的抗性遗传 I. 几个引用抗源对东北大豆花叶病毒二号株系的抗性遗传[J]. 遗传学报, 1994, 21(5): 403-408. (Liao L, Liu Y Z, Sun D M, et al. Inheritance of soybean to soybean mosaic virus I. Inheritance of several resistant varieties introduced resistance to No. II strain of SMV [J]. Acta Genetica Sinica, 1994, 21(5): 403-408.)
- [26] 栾晓燕. 大豆对 SMV 3 号株系成株抗性遗传的研究[J]. 大豆科学, 1997, 16(3): 223-226. (Luan X Y. Inheritance of resistance to No. III (173) strain of soybean mosaic virus in soybean [J]. Soybean Science, 1997, 16(3): 223-226.)
- [27] Wang Y, Nelson R L, Hu Y Z. Genetic analysis of resistance to soybean mosaic virus in four soybean cultivars from China [J]. Crop Science, 1998, 38: 922-928.
- [28] Zheng C M, Chen P Y, Gergerich R. Genetic analysis of resistance to soybean mosaic virus in J 05 soybean [J]. The Journal of Heredity, 97: 429-437.
- [29] Liao L, Chen P Y, Buss G R, et al. Inheritance and allelism of resistance to soybean mosaic virus in Zao 18 soybean from China [J]. The Journal of Heredity, 2002, 93: 447-452.
- [30] Liao L, Chen P Y, Rajcan I, et al. Genetic analysis of soybean '8101' containing three genes for resistance to soybean mosaic virus (SMV) [J]. Crop Science, 2010, In processing.
- [31] Kill R A S, Hartwig E E. Inheritance of reaction to soybean mosaic virus in soybean [J]. Crop Science, 1979, 19: 372-375.
- [32] Buzzel R I, Tu J C. Inheritance of a soybean stem-tip necrosis reaction to soybean mosaic virus [J]. The Journal of Heredity, 1989, 80: 400-401.
- [33] Buss G R, Ma G R, Chen P Y, et al. Registration of V 94-5152 soybean germplasm resistant to soybean mosaic potyvirus [J]. Crop Science, 1997, 37: 1987-1988.
- [34] Chen P Y, Buss G R, Tolin S A. Resistance to soybean mosaic virus conferred by two independent dominant genes in PI 486355 [J]. The Journal of Heredity, 1993, 84: 25-28.
- [35] Hayes A J, Ma G R, Buss G R, et al. Molecular marker mapping of RSV4, a gene resistance to all known strains of soybean mosaic virus [J]. Crop Science, 2000, 40: 1434-1437.
- [36] Yu Y G, Saghai Maroof M A, Buss G R. RFLP and microsatellite mapping of a gene for soybean mosaic virus resistance [J]. Phytopathology, 1994, 84: 60-64.
- [37] Shi A N, Chen P Y, Li D X, et al. Genetic confirmation of 2 independent genes for resistance to soybean mosaic virus in J 05 soybean using SSR markers [J]. The Journal of Heredity, 2008, (6): 598-603.
- [38] Joeng S C, Kristipati S, Hayes A J. Genetic and sequence analysis of markers tightly linked to the soybean mosaic virus resistance gene, Rsv3 [J]. Crop Science, 2002, 42: 265-270.