

大豆花叶病抗性遗传的初步研究*

严隽析 马育华

(南京农业大学大豆遗传育种研究室)

提 要

为探索大豆对大豆花叶病毒抗性遗传的性质及遗传方式,本文研究了由4个感病丰产品种和4个抗病品种配置的12个杂交组合的 F_1 和 F_2 代以及其中两个组合的 F_3 代。为了保证正确鉴定 F_2 代的分离比例,采用两次汁液摩擦接种方法。研究结果表明:10个组合的抗病性是由一个单一显性基因控制的, F_2 代抗病与感病的分离比例是3:1。另有两个组合的抗病与感病的分离与3:1的理论值不一致。通过 F_3 代株系鉴定结果,进一步证实其中两个品种的抗性由单个显性基因支配的推断。

大豆花叶病是发生最普遍的一种病毒病。花叶病的症状因品种、病毒的株系、植株年令和气温的不同,差异很大。病毒的株系、品种和试验地区都是影响此病造成产量损失的因素^[14]。由于大豆花叶病可由种子带毒进行传播,且病毒存在于大豆种子的胚和胚乳内^[20],在田间由蚜虫以非持久性方式传病,化学药剂治虫防病的效果不明显,虽有矿物油和植物油保护植株,减少发病,但作用机制目前尚不清楚且成本较贵^[8,16],因此选育推广抗病品种乃是防治大豆花叶病最经济、易行和有效的方法^[1,3-6]。关于大豆花叶病毒抗性遗传规律的研究,国内尚未见有详细报道,国外的研究也不多,有些人认为植株的抗病性是由单个显性基因控制的^[7,17,19,21],但也有与这些结果不一致情况^[18]。这些报道说明大豆对大豆花叶病毒的抗性涉及到品种和株系之间的相互作用,比较复杂,本研究的目的为:(1)基于抗病育种的需要,明确几种有抗性大豆品种的特点;(2)探讨抗性鉴定的接种方法和技术;(3)对国外引进和国内一些抗病材料进行抗 S_a 、 S_c 株系的遗传研究,探讨抗性遗传的规律,为抗大豆花叶病育种计划的拟订提供一定依据。

一、材料和方法

用生产上推广的丰产感病品种18—6、493—1、1138—2和424作母本(南京农业大学大豆研究室提供)和抗病品种(品系)Kwanggyo(南京农业大学植保系提供)、

* 本论文系严隽析硕士论文的部分结果,受到中国科学院科学基金资助,特表谢忱。在研究过程中得到南农植保系陈永萱副教授的指导和帮助,薛宝娣老师参加了抗病性的鉴定工作,一并致谢。

大白麻（吉林省农科院提供）、兗黄 1 号（山东省农科院提供）、7426（南京农业大学植保系提供），共配置 12 个组合。

1982 年濮祖芹等^[9]分离鉴定了大豆花叶病毒 6 个株系，江苏省主要是 S_a 和 S_c 株系。

八个亲本品种（品系）对大豆花叶病毒两个株系（S_a、S_c）的抗性反应如表 1 所示。

表 1 八个亲本品种（品系）对大豆花叶病毒两个株系的抗性反应
Table-1. The Resistance of Eight Soybean Cultivars to Two Strains S_a and S_c of Soybean Mosaic Virus (SMV)

大豆品种（品系） Soybean Cultivars	对 SMV 株系反应 Reaction to SMV Strains	
	S _a	S _c
18—6	0—N/M	0/M
493—1	0—N/M	0/M
1138—2	0—N/M	0/M
424	N/N	0/0
Kwanggyo	0/0	0/0
大白麻 Da-bai-ma	0/0	N/0—N
兗黄 1 号 Gun-huang 1	N/N	0/0
7426	0—N/0—M	0/0

注：（1）0=无症状 M=花叶症状 N=坏死
（2）症状符号的形式：（接种叶的反应）/（未接种的上位叶上的反应）
0/0：无反应。
N/0—N：接种叶局部坏死，上位叶有时有局部坏死症状。
N/N：接种叶局部坏死，上位叶系统坏死。
0/M：接种叶无反应，上位叶为深浅绿色镶嵌的系统花叶，有些叶片的叶缘向下呈波纹状卷曲。
0—N/M：接种叶有时有枯斑，上位叶系统花叶。
0—N/0—M：接种叶有时有枯斑，上位叶有时有花叶症状。

用 18—6、493—1、1138—2 作母本与抗病品种（品系）Kwanggyo、兗黄 1 号，7426 杂交，再配置一个反交组合 7426 × 1138—2，这些组合感病症状是系统花叶。再选 424 作母本（感 S_a），分别和抗 S_a 的 Kwanggyo、大白麻进行杂交，这两组合感病症状是系统枯斑。父母本所配置的杂交组合及所接株系如表 2 所示。

抗源的繁殖，鉴定在 82 年冬季于南京卫岗防虫温室进行，所有杂交于 83 年夏在南京江浦农场防虫网室内进行，亲本分期播种，以保证花期相遇。常规管理，及时防治虫害，植株生长正常。收获时单株脱粒装袋，杂交荚子按组合收获。83 年秋季收获的 F₁ 杂交荚子于冬季在卫岗温室繁殖 F₂ 代。84 年 6 月初，P₁、P₂、F₁ 代和 F₂ 代同时接种，鉴定在南农防虫网室内进行。P₁、P₂、F₁ 代各种 15—25 株于盆钵中，P₁、P₂、F₁ 代均设有不

表 2 父母本所配置的杂交组合及所接株系
Table-2. The Crosses made by Combination of Eight Parental Cultivars and Their Inoculated Strains (SMV)

接种株系 Inoculated Strains	父本 ♂ Parent Kwanggyo	大白麻 Da-bai-ma	充黄 1 号 Gun-huang 1	7426	1138—2
母 本 ♀ Parent					
18—6	S _a	/	S _c	S _c	/
493—1	S _a	/	S _c	S _c	/
1138—2	S _a	/	S _c	S _c	/
424	S _a	S _a	/	/	/
7426	/	/	/	/	S _c

接种材料作为对照。F₂代收获时单株脱粒装袋，两个组合（1138—2×7426、424×大白麻）的F₃代株系在84年9月中旬播于南农温室的盆钵中。接种所用的毒源是经南农植保组鉴定的。大豆花叶病毒 S_a 和 S_c 分别在感病的1138—2品种上保存。接种 3~4 周后的病株作为接种材料。大豆品种直播于盆钵中。为了保证遗传分析的准确性，对接种方法进行了探讨。供试的 8 个大豆品种（品系）是南京农业大学大豆研究室提供的。它们是：18—6（感 S_a、S_c）、493—1（感 S_a、S_c）、1138—2（感 S_a、S_c）、424（感 S_a）、Kwanggyo（抗 S_a、S_c）、大白麻（抗 S_a）、充黄 1 号（抗 S_c）、7426₊（抗 S_c）。抗病品种（品系）的抗性是经南农植保系植保组鉴定的。毒源由植保组提供。

接种量试验以每克病叶加不同量缓冲液稀释后接种，共分 3 个处理：7ml/克、5ml/克、3ml/克 [ml（加缓冲液量）/克（病叶重量）]。接种次数分别为一次接种和两次接种。当第一对真叶刚展平后，取病株典型皱缩症状、具有泡状突起的毒株叶片 3 克，放在消毒的研钵中，再按比例加入一定量的 0.01M 磷酸缓冲液（pH7.2），使接种量分别为 7ml/克、5ml/克、3ml/克，同时再加入少许金刚砂（400 目）搅匀，研碎、接着用肥皂洗干净的手指蘸取汁液在第一对刚展平的真叶上来回轻轻均匀摩擦，然后用清水将叶面多余的汁液和磨料轻轻洗去。接种在防虫温室进行。接种期平均温度 20—25℃。第一次接种后 5 天，在原接种叶上进行第二次接种。接种后 10 天观察症状反应，持续观察三周。感病植株症状如下：1、接种叶无反应，上位叶为深浅绿色镶嵌的系统花叶，有些叶片叶缘向下呈波纹状卷曲（O/M）。2、接种叶、上位叶均为系统坏死

(N/N)。然后计算接种植株的发病率。发病率 (%) = $\frac{\text{发病株数}}{\text{接种株数}} \times 100$ 。

在抗性遗传分析中，为了保证感病植株 100% 发病，汁液摩擦接种采用 3 克/ml 的接种量，两次接种方法，第二次接种后 10 天开始观察症状反应，一直到开花。抗病、感病类型的记载标准是：

- 1. 免疫（O/O）。
- 2. 接种叶局部坏死，上位叶正常（N/O）。

3. 接种叶无反应, 上位叶为深浅绿色镶嵌的系统花叶, 有些叶片的叶缘呈波纹状卷曲 (0/M)。

4. 接种叶局部坏死、上位叶系统坏死 (N/N)。

抗病、感病类型划分如下: 1、2 两种类型属于抗病, 3、4 两种类型属于感病。

接种后未表现症状的植株 (F_1 代以及部分 F_2 、 F_3 代), 都经过鉴别寄主菜豆品种“Top Crop”的接种叶检验, 以证实有无病毒的侵染^[12]。

测验显性: 隐性的比例为 3 : 1, 以及抗病的 F_2 代植株种成 F_3 代株系后, 纯抗系: 分离系的比例为 1 : 2 的符合度公式如下:

$$\chi^2 = \sum \left(\frac{(|O - E| - \frac{1}{2})^2}{E} \right) (2)$$

式中 O 为观察次数, E 为理论次数。

二、试验结果和分析

1. 亲本品种 (品系) 对大豆花叶病毒 S_a 、 S_c 两株系的抗性反应

丰产感病亲本 18—6 (接 S_a 、 S_c)、493—1 (接 S_a 、 S_c)、1138—2 (接 S_a 、 S_c)、424 (接 S_a) 用 3ml/克接种量、两次接种后均表现 100% 感病。

抗病亲本 Kwanggyo (接 S_a)、大白麻 (接 S_a)、宛黄 1 号 (接 S_c)、7426 (接 S_c)、用 3 ml/克接种量、两次接种后表现 100% 抗病。见表 3。这些结果与植病组测定表现一致。

表 3 亲本品种 (品系) 用 S_a 、 S_c 株系、3ml/克
接种量、两次接种植株的发病率 (%)

Table-3. The Incidence of Eight Soybean Cultivars with Dosage
3ml/g by Strains S_a and S_c under Two Times of Inoculation

品 种 Cultivar	处 理 Treatment	S_a	S_c
18—6		100	100
493—1		100	100
1138—2		100	100
424		100	—
Kwanggyo		0	—
大 白 麻	Da-bai-ma	0	—
宛黄 1 号	Gun-kuang 1	—	0
7426		—	0

2. 抗性鉴定的接种方法的初步探讨

大豆对大豆花叶病毒的抗性遗传分析首先要进行接种试验，没有使感病品种 100% 发病的接种方法，遗传分析就缺乏准确性。因此，植物的接种是抗病性遗传研究中的基本技术。汁液摩擦是使用最广泛的接种方法。在接种过程中，不同的株系、不同品种、不同接种量以及不同接种次数均能影响植株的发病率。

八个大豆品种（品系）一次接种、两次接种，分别在 7ml/克、5ml/克、3ml/克接种量下、接不同株系，植株的发病率如表 4 所示。

表 4 一次接种、两次接种在不同接种量、接不同株系
下大豆品种（品系）对抗性反应的比较

Table-4. The Comparison of Incidence of Eight Soybean
Cultivars under Inoculation Once and Twice with
Different Inoculated Dosage and Different SMV Strains

处理 发病率 品种 Cultivars	接种量 7ml/g Inoculated dose 7ml/g				接种量 5ml/g Inoculated dose 5ml/g				接种量 3ml/g Inoculated dose 3ml/g			
	S _a		S _c		S _a		S _c		S _a		S _c	
	I		I		I		I		I		I	
	I	I	I	I	I	I	I	I	I	I	I	I
1138—2	80.78	88.00	76.92	80.76	100	100	100	100	100	100	100	100
18—6	74.07	76.92	70.73	73.08	96.00	96.30	92.30	92.59	100	100	96.30	100
493—1	68.00	74.07	64.00	66.67	92.30	96.30	88.89	92.30	100	100	96.30	100
424	72.00	75.00	0	0	95.83	96.00	0	0	100	100	0	0
Kwanggyo	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
大白麻 Da-bai-ma	0	0	8.00	8.33	0	0	12.00	16.67	0	0	16.00	16.67
充黄 1 号 Gun-huang 1	11.11	12.00	0	0	14.81	16.00	0	0	18.52	20.00	0	0
7426	0	0	0	0	4.00	4.35	0	0	7.69	8.33	0	0

注：I 是一次接种的发病率，II 是两次接种的发病率。

从表 4 试验可以看出：感病品种的发病率随接种量的增加而提高，但品种间存在差异，1138—2 在较低接种量下接种有较高的发病率。18—6、493—1、424（接 S_a）则在较低接种量下发病较低。

在相同接种量下，感病品种接种 S_a 株系发病率比接种 S_c 株系发病率高，这是由于 S_a、S_c 株系之间有不同的致病力，S_a 致病力强，S_c 致病力较弱。

一次接种在3ml/克接种量下不能使18—6（接 S_c ）、493—1（接 S_c ）100%发病。在两次接种情况下，植株发病率比一次接种植株发病率高，18—6（接 S_c ）、493—1（接 S_c ）在两次接种，3ml/克接种量下植株发病率达100%。

424品种在两次接种，3ml/克接种量下接 S_a 株系，植株发病率达100%，而接 S_c 株系，植株100%抗病。

抗病品种（品系）Kwanggyo抗 S_a 和 S_c 株系，大白麻抗 S_a 株系、充黄1号抗 S_c 株系和7426抗 S_c 株系。

从接种比较试验可知：只有在两次接种，接种量3ml/克情况下，在本试验中进行大豆对大豆花叶病毒抗性遗传的分析才是可靠的。

3. 杂交组合 F_1 世代的抗性表现

用丰产感病品种18—6、493—1、1138—2和424作母本与抗病品种（品系）Kwanggyo、大白麻、充黄1号和7426作父本杂交，再配置一个反交组合7426 \times 1138—2，杂交所产生的 F_1 代用3ml/克接种量两次接种， F_1 代抗性表现列于表5。

表 5 大豆杂交组合 F_1 世代抗性表现

Table-5. The Resistance of F_1 Generation of Different Crosses to Soybean Mosaic Virus (SMV)

F ₁ 接种株数 F ₁ Plants of Inoculation	抗病品种 Resistant Cultivars	Kwanggyo		大 白 麻 Da-bai-ma		充 黄 1 号 Gun-huang 1		7426	
		抗 (%) Resis- tant (%)	感 Susce- ptible	抗 (%) Resis- tant (%)	感 Susce- ptible	抗 (%) Resis- tant (%)	感 Susce- ptible	抗 (%) Resis- tant (%)	感 Susce- ptible
感病品种 Susceptible Cultivars	18—6	12(S_a)	0	—	—	20(S_c)	0	21(S_c)	0
	493—1	17(S_a)	0	—	—	19(S_c)	0	17(S_c)	0
	1138—2	19(S_a)	0	—	—	24(S_c)	0	19(S_c) (19)(S_c)	0
	424	15(S_a)	0	20(S_a)	0	—	—	—	—

注：表中括号内数字表示反交数， S_a 表示接种 S_a 株系， S_c 表示接种 S_c 株系。

从表5可以看出，各杂交组合的 F_1 代均表现抗病，其抗病类型与亲本一致，表明感病品种与抗病品种（品系）杂交， F_1 代抗性表现为显性。从1138—2 \times 7426正反交来看，7426对 S_c 株系的抗性不受细胞质遗传的影响。

4. F_2 代群体抗性表现及遗传方式分析

丰产感病品种与抗病品种（品系）杂交的 F_2 代群体，在接种量3ml/克、两次接种 S_a 或 S_c 株系情况下，出现抗、感植株分离比例如表6所示。

表 6 大豆12个杂交组合的F₂代植株对S_a或S_c株系的抗性表现及遗传分析表

Table-6. The Resistance of F₂ Generation to Soybean Mosaic Virus of 12 Soybean Crosses and Their Genetic Analysis

材 料 12 Soybean Crosses	抗病株数 No. of Resistant Plants	感病株数 No. of Suscep- tible Plants	χ^2 值 χ^2	3 : 1 比例概率 P
18—6×Kwanggyo	201	63	0.1263	0.50—0.75
493—1×Kwanggyo	160	57	0.1244	0.50—0.75
1138—2×Kwanggyo	66	33	3.2357	0.05—0.10
18—6×Gun—huang No.1	52	22	0.6486	0.25—0.50
493—1×Gun—huang No.1	136	76	12.7358	0.001~
1138—2×Gun—huang No.1	116	75	19.9808	0.001~
18—6×7426	173	59	0.0144	0.90—0.95
493—1×7426	201	74	0.4376	0.50—0.75
1138—2×7426	142	59	1.8060	0.10—0.25
7426×1138—2	95	37	0.4949	0.25—0.50
424×Da—bai—ma	185	65	0.0853	0.75—0.90
424×Kwanggyo	234	80	0.0170	0.90—0.95

注： χ^2 代表矫正 χ^2 值。

从表 6 可知：在这 12 个组合中，除两个组合 1138—2×充黄 1 号，493—1×充黄 1 号外，10 个组合的 F₂ 群体均表现为 3 : 1 的抗感分离。经 χ^2 (矫正后) 测验，各组合的 P 值均大于 0.05，符合抗性由单个显性抗病基因支配的期望比例 3 (抗) : 1 (感)，表明各供试抗病品种对 S_a 或 S_c 株系的抗性各由单一显性抗病基因控制。

1138—2×充黄 1 号 F₂ 代抗 : 感 = 116 : 75，493—1×充黄 1 号 F₂ 代抗感分离比例是 136 : 76。这两个组合与理论 3 (抗) : 1 (感) 的分离比例比较，F₂ 代抗病植株明显偏少。

5. F₃代株系的抗性表现

在 1138—2×7426 的 F₂ 代的感病植株中随机抽取 20 株，种成 F₃ 代株系，接种 S_c 株系后，全部感病，未发生抗性分离。

在 1138—2×7426 和 424×大白麻两组合的 F₂ 代的抗病单株中随机抽取 100 株种成 F₃ 代株系，分别接 S_c 和 S_a 株系，F₃ 代株系的抗性表现均分为两种类型：系内植株全部抗病，不发生抗性分离；系内植株发生抗性分离，经 χ^2 测验，P 值均大于 0.05，符合由单个显性抗病基因支配时，F₂ 代抗病植株种成的 F₃ 代株系抗性表现的期望比例 1 (纯抗) : 2 (分离)。鉴定结果见表 7。F₃ 代株系的鉴定结果进一步证明大白麻、7426 对 S_a 和 S_c 株系的抗性由单个显性基因支配的推断。

表 7. F_2 代中抗病植株种成 F_3 代株系对 S_a 、 S_b 株系的抗性表现
Table-7. The Resistance of F_3 Generation planted from the Resistant plants of F_2 of Two Crosses in Soybeans

组 合 Crosses	抗 性 表 现 Resistant reaction			χ^2 值 (1:2)	概 率 P
	纯 抗 Purely resistant	分 离 Segregated	总 数 Total		
424×Da-bai-ma	31	69	100	0.1458	0.50—0.75
1138—2×7426	36	64	100	0.2179	0.50—0.75

注：表内数字为各类型株系数。

讨 论

1. 关于抗原的筛选和抗性遗传研究中亲本选用问题

在大豆花叶病毒病的防治上，至今尚无有效的药剂。当前开展抗大豆花叶病毒病育种工作非常迫切。大豆起源于我国，我国拥有丰富的大豆种质资源。作为抗病育种的必要基础工作之一——抗原的搜集、鉴定与遗传研究是我国大豆抗病育种中值得重视的问题。在抗大豆花叶病毒研究中，一个抗原的抗病性首先取决于品种——株系在一定环境下的相互作用。由于大豆花叶病毒在不同地区有株系的分化，因此，即使用同一抗原在不同地区的反应也可能是不同的。例如Kwanggyo原在南朝鲜是个抗病品种，1974年被大豆花叶病毒一个坏死株系严重侵染，其严重度甚至高于一个已知的感病品种^[11]，但Kwanggyo在美国是个抗病品种，能抗美国 G_1 — G_4 株系，Kwanggyo在我国能抗六个株系的侵染。由于各地株系不同，不同株系具有不同的致病力，大豆品种在各地反应也就不同。因此，只有查明当地的大豆花叶病的流行株系和株系的组成，有的放矢地筛选抗原，才能比较有把握地达到育种试验的预期目标，选出可供生产使用的新品种。

大豆花叶病毒对环境条件的反应很敏感，特别是温度，接种期间最适宜温度在 18°C — 25°C ，温度过低，感病植株不发病，温度高达 30°C 左右，产生花叶症状的某些品种会产生“隐症”现象，例如本试验中，1138—2品种的感病症状较隐定，而493—1品种在温度高于 30°C 时会产生“隐症”现象，影响试验准确性。

不同亲本品种对同一株系的反应也存在差异，1138—2、493—1、18—6接种 S_a 株系后的感病症状是花叶反应；424品种接种 S_a 株系后的感病症状是枯斑反应。从本试验的抗性遗传分析看来，感病症状的取材以系统枯斑为好，因系统枯斑症状受温度影响小且症状更明显。

在作抗性遗传分析时，应选100%抗该株系的品种（品系）作为一个亲本，例如本试验中，不应选大白麻作为抗 S_a 株系的亲本，也不应选充黄1号和7426作为抗 S_a 株系的

亲本, 因为它们对接种植系在 3ml/克接种量, 两次接种情况下感病率分别为16.67%、20.00% 和 8.33%。如果采用这样的品种(品系)作为亲本, 则会给后代分析带来干扰。

在作抗性遗传研究时, 应尽量选用丰产品种(品系)作亲本, 这样在杂种后代中就可能选出高产高抗的品种(品系), 从而更快地达到育种目标。

2. 关于抗病性鉴定问题

抗病性鉴定以及进行抗性遗传分析是抗病育种的基本环节之一, 植物的接种是抗性遗传的基本技术, 汁液摩擦是使用最广泛的接种方法。由于各品种抗性表现不同, 在本试验中, 对感病品种一次接种不能保证百分之百的发病。因此, 在接种量, 接种方法上进行了一些适当的改进, 以达到有效的接种效率, 这对于保证抗性鉴定的准确性殊为重要。本试验所用两次接种方法与 Drijfhout^[13] 在菜豆遗传分析时所用的方法相类似。在接种量上, Goodman 等^[15] 在作苗期接种与健康植株产量比较试验时所用接种量是5ml/克。Bowers 等^[10] 在测定植株各部分病毒含量时所用接种量是4ml/克。我们在试验中用此接种量两次接种并不能使 18—6、493—1、424品种100%发病, 我们认为把接种量提高到 3ml/克, 两次接种的方法对正确进行抗性鉴定是必要的。采用 3ml/克的接种量必然需要较多的毒源, 能否在其他方面作些改进, 例如在接种液中加入适量的还原性物质如亚硫酸钠(0.01M)、氢硫基醋酸(0.01M), 这样可能有利于增加病毒的侵染力而节省毒源, 或在接种前一天进行黑暗处理, 以提高发病率, 这尚待于进一步研究。

许多病毒可由昆虫传染, 接种试验要在防虫的温室或防虫网室进行, 通常的温室条件非常有利于蚜虫的繁殖。因此, 接种期间要随时检查以及定期喷内吸性杀虫剂, 这对于保证鉴定的准确性是非常必要的。

3. 关于抗性遗传方式的问题

我们研究了12个组合的抗大豆花叶病毒的遗传方式, 其中10个组合呈现大豆对大豆花叶病毒 S_a 或 S_b 株系的抗性是由单个显性基因控制的, 这个结论与Kiihl^[17]、Lim^[19]和Roane^[21]等的结果相一致, 在本试验中, F_1 代以及 F_2 代中抗病单株与抗病亲本的抗性表现一致, F_2 代中感病症状尽管有系统花叶和系统枯斑两种类型, 但在 F_2 代中单株感病症状与感病亲本一致。在分离的 F_2 代中并没有连续性的等级出现。从分离 F_2 代的表现表明: 大豆抗大豆花叶病毒是明显的质量性状遗传方式。从10个杂交组合的 F_1 、 F_2 代的资料来看, Kwanggyo、大白麻、7426对 S_a 或 S_b 株系的抵抗性由一个单一显性主效基因所控制的遗传趋势是明显的。通过1138—2×7426(接 S_b)、424×大白麻(接 S_a)两个组合的 F_3 代株系验证, 可以进一步证明了大白麻对 S_a 株系, 7426对 S_b 株系的抗性是由单个显性基因所控制。

在本试验中对兗黄1号不能作出肯定结论, 尽管在18—6×兗黄1号这一组合中, F_2 代抗感分离比例符合 3 : 1, 但该群体较小, 在其他两组合与理论 3 (抗) : 1 (感)

的分离比例比较, F_2 代中出现抗病性植株明显偏少, 看来究黄 1 号的抗性遗传基础比较复杂, 尚须作进一步研究。另方面从 F_1 代明确地表现抗性是显性, 说明这一品种是有抗性基因存在。

4. 本研究结论在育种上应用问题以及今后进一步研究的方向

本研究中几个抗病品种(品系)抗大豆花叶病毒 S_a 或 S_b 株系由单个显性基因控制, 遗传方式简单, 可采用回交育种方法和单株系谱法来改进现有推广范围较广、抗病性差的品种。鉴于目前的抗病材料大多数综合经济性状差, 这给抗病育种带来困难, 因此注意优良中间材料的创造和利用, 这是一个值得重视的问题。从育种的长远观点出发, 一方面应尽量选择对当地强株系高抗或有广谱抗性的抗源作亲本, 另一方面把多种主效抗病基因同时引入到同一经济性状较好的品种中去, 使育成复合品种(聚合品种)。使用复合品种能大大降低病原物的适应的频率, 从而延长品种使用年限, 这也是大豆抗病育种中值得重视的问题。

今后在对大豆花叶病毒抗性遗传方面, 急需搜集与研究大豆的抗性种质资源, 进一步寻找不同的抗性基因并对不同抗性基因开展进一步遗传分析, 并且研究在不同遗传背景下其抗性表现, 也需要开展抗性的生理生化基础的研究工作。

参 考 文 献

- [1] 马育华等, 1983, 植物育种学原理, 237—263. 南京农学院印。
- [2] 马育华, 1982, 试验统计, 320—332. 农业出版社。
- [3] 华北农业大学, 广东农林学院等, 1976, 植物遗传育种学, 480—521. 科学出版社。
- [4] 上海生物化学研究所病毒组译, 1982, 植物病毒学概要, 191—201. 上海科学技术出版社。
- [5] 林建兴、张性坦、赵存、柏慧霞、张帆、牛德水, 1983, 大豆抗病毒新品种的选育, 大豆科学 2 (2): 125—130。
- [6] 桥本钢二、长泽次男, 1981, 大豆抗病育种的现状和问题 (I), 国外农学—大豆 第 5 期, 1—7。
- [7] 长泽次男等, 1981, 大豆抗病毒病的育种, 国外农学—大豆 第 6 期, 13—18。
- [8] 张秀华、赵淑珍、蔡文启、田波, 1976, 油剂对蚜虫传染非持久性植物病毒的抑制作用, 微生物学报 16 (2): 142—147。
- [9] 濮祖芹、曹琦、房德纯、薛宝娣、方中达, 1982, 大豆花叶病毒的株系鉴定, 植物保护学报 9 (1): 15—20。
- [10] Bowers, G. S. R., Jr., and R. M. Goodman, 1979, Soybean mosaic virus: Infection of soybean seed parts and seed transmission. Phytopathology 69: 569—572。
- [11] Cho, E. K., B. J. Chune, and S. H. Lee, 1977, Studies on identification and classification of soybean virus diseases in Korea II. Etiology of a necrotic disease of Glycine max. Plant Dis. Reprtr. 61: 313—317。
- [12] Cho, E. K., and R. M. Goodman, 1979, Strains of soybean mosaic virus: Classification based on virulence in resistant soybean cultivars. Phytopathology 69: 467—470。
- [13] Drijfhout, E., 1978, Genetic interaction between *Phaseolus vulgaris* and bean common mosaic virus with implications for strain identification and breeding for resistance. Agric. Res. Rep. 872. Center for Agriculture Publishing and Documentation. Washington, The Netherlands. 98pp。
- [14] Dunleavy, J. M., 1973, Viral Disease In B. E. Caldwell (ed.) Soybean: Improvement, Production, and Uses, Am. Soc. Agron. Madison, Wis, USA. pp. 505—526。
- [15] Goodman, R. M., and J. H. Oaro, 1980, Seed transmission and yield losses in tropical soybeans infected by soybean mosaic virus. Plant Dis. 64: 913—914。

- [16] Irwin, M. E., and G. A. Schultz, 1981, Soybean mosaic virus. *FAO Plant Protection Bulletin* 29 : 41—54.
- [17] Kiihl, R. A. S., and E. E. Hartwig, 1979, Inheritance of reaction to soybean mosaic virus in soybean. *Crop Sci.* 19 : 372—375.
- [18] Kwon, S. H., and J. H. Oh, 1980, Resistance to a necrotic strain of soybean mosaic virus in soybean. *Crop Sci.* 20 : 403—404.
- [19] Lim, S. M. 1982, A new source of resistance to soybean mosaic virus in a soybean line and its inheritance. *Phytopathology* 72 : 943.
- [20] Porto, M. D., and D. J. Hagedorn, 1975, Seed transmission of a Brazilian isolate of soybean mosaic virus. *Phytopathology* 65 : 713—716.
- [21] Roane, C. W., S. A. Tolin., and G. R. Buss, 1983, Inheritance of reaction to two viruses in the soybean cross 'York' × 'Lee 68'. *The Journal of Heredity* 74 : 289—291.

PRELIMINARY STUDY ON INHERITANCE OF RESISTANCE TO SOYBEAN MOSAIC VIRUS IN SOYBEANS

Yan Junxi Ma Yuhua

(*The Soybean Research Laboratory, Nanjing Agricultural University*)

Abstract

Eight soybean cultivars, four-resistant to strain S_a and/or S_c of soybean mosaic virus (SMV) and four susceptible to both or to S_a only, were used in this study to determine the inheritance of resistance to the two strains. P_1 , P_2 , F_1 and F_2 plants were inoculated with the two strains in insect-free nets, and F_3 lines in the greenhouse, of 12 crosses, 10 showed a segregation ratio of three resistant to one susceptible in F_2 generation, indicating a single [dominant gene responsible for resistance. This was validated by a ratio of one non-segregate to two segregate in F_3 line derived from 100 resistant F_2 plants of two crosses. The reciprocal crosses between "1138—2" and "7426" showed no cytoplasmic effect in resistance to SMV. However, two crosses failed to fit well the 3 : 1 ratio.