

大豆对 SMV 3 号株系成株抗性遗传的研究^{*}

栾晓燕

(黑龙江省农业科学院大豆所 哈尔滨 150086)

摘 要

通过四个对东北大豆花叶病毒 3 号株系 (173 强毒株) 的感 \times 抗杂交组合的 F_1 、 F_2 和回交 BC_1 群体的成株抗性分析, 明确了四个创新抗源的遗传特点及其应用价值。哈 91R₃-182 哈 91R₃-188, 其抗性是由两对互补隐性基因控制的, F_2 抗感分离比例为 7:9; 哈 91R₃-301, 哈 91R₃-310 其成株抗性是由两对互补显性基因控制的, F_2 代抗感分离比例为 9:7, 这四份种质可作为东北地区抗 SMV 育种的理想抗源。

关键词 大豆; 花叶病毒; 抗性; 遗传

前 言

大豆品种对大豆花叶病的抗性遗传研究始于 70 年代, 多数学者认为, 成株抗性是由显性单基因控制的, Wilcox (1968), Roane (1983), 严隽析 (1985), 胡蕴珠 (1985), 张玉东 (1989), 陈怡 (1990) 等。也有与此不同的研究结果, 1974 年 Singh (印度) 等认为抗源 PI171443 对所接种株系的抗性和孙志强 (1990) 应用吉林 21 抗源对 SMV 1 号株系的抗性均受两对互补隐性基因控制的; 陈怡、栾晓燕等 (1994) 研究结果认为, 哈 88-7704 哈 88-2498 对 SMV 1 号株系的抗性受两对互补显性基因控制的。上述研究结果表明: 不同抗源对所接种的株系的抗性遗传是各异的。本研究针对我国东北地区 SMV 3 号株系抗源缺少的现状, 在创新抗源的基础上, 进一步明确四个创新抗源的遗传特点, 为抗源的合理利用及抗性育种提供理论依据。

材料和方法

1993~1994 年应用我所创新的抗 SMV 3 号株系抗源哈 91R₃-182 哈 91R₃-188 哈

^{*} 本研究属黑龙江省自然科学基金资助项目。本文承蒙吴忠璞教授审改, 特此致谢。参加本试验的还有陈怡、杜维广、张桂茹、满为群、谷秀芝等同志。

本文于 1997 年 2 月 26 日收到。 This paper was received on Feb. 26, 1997.

91R₃-301,哈 91R₃-310与感病品种合丰 25 合丰 35 垦农 4 哈 90-33-2 配制 4个杂交组合,4个回交组合并繁殖 F₁种子。1995年于隔离病圃种植各组合的亲本 F₁和 BC₁各一行,F₂群体 6行以上,行长 4m 行距 70cm,株距 8cm 5月 2日播种,出苗后根据叶形及下胚轴除去 F₁的伪杂种,于真叶期拔除可疑病苗(根据种传苗病状),然后采用汁液摩擦法人工接种 SMV 3号株系的 173毒株(由东北农业大学大豆所提供),十天后重复接种一次,生育阶段两次调查发病情况

调查标准:参考胡蕴珠 严隽析等方法,凡汁液摩擦接种后不发病或只在接种叶上出现局部枯斑而上位叶无病叶者为抗病;凡接种后出现系统花叶病状或系统坏死症状,无论是轻型斑驳花叶、重花叶、皱缩花叶、黄斑叶脉坏死、系统叶脉坏死、系统性坏死斑以及顶枯者均属于感病类型

结果与分析

1. 亲本与 F₁代的抗性表现

4个感×抗组合及 F₁代对 SMV 3号(173)株系的抗性表现见表 1 感病亲本接种发病后 100%感病,病情指数均大于 50%,病级 4~6级,抗病亲本 100%抗病,个别株病级为 1级,病情指数都不到 2%。C₁ C₂组合 F₁病情指数高于感病亲本,表现为感病性超亲遗传;C₃ C₄组合 F₁病情指数介于双亲之间,低于双亲中值,表现为抗病性部分显性遗传。

表 1 各组合亲本及 F₁对 SMV 3号(173)株系的抗性反应(病情指数%)

组合 Cross		亲 本 Parents	F ₁	双亲中值 M P
		P ₁ P ₂		
C ₁	合丰 25× 哈 91R ₃ -182	66.67	1.34	70.10
	Hefeng 25× Ha 91R ₃ -182			
C ₂	合丰 35× 哈 91R ₃ -188	64.96	1.56	68.33
	Hefeng 35× Ha 91R ₃ -188			
C ₃	垦农 4× 哈 91R ₃ -301	66.14	0.80	27.07
	Kennong 4× Ha 91R ₃ -301			
C ₄	哈 90-33-2× 哈 91R ₃ -310	58.31	1.02	7.58
	Ha90-33-2× Ha 91R ₃ -310			

2. F₂群体的抗性分离

各组合 F₂群体的抗性表现见表 2 C₁ C₂组合 F₂群体的抗感分离比例为 7:9,适合性测验的概率皆大于 0.05,说明哈 91R₃-182 哈 91R₃-188对 SMV 3号(173)株系其成株抗性是由二对互补隐性基因控制的;组合 C₃ C₄ F₂群体的抗感分离比例为 9:7,经 X²测验表明,其抗性符合由二对互补显性基因支配的遗传规律

3. 回交世代 BC₁的抗性分离

用感病亲本合丰 25 合丰 35 垦农 4 哈 90-33-2与其相应的组合 F₁回交,其后代群体表现见表 3 其中合丰 25×(合丰 25× 哈 91R₃-182)和合丰 35×(合丰 35× 哈 91R₃-188)

- 188)两组合的 BC_i 群体的抗感分离比例为 3∶ 1,从而验证了两抗源哈 91R₃- 182 哈 91R₃- 188对 SMV3号 (173)株系的抗性是由二对互补隐性基因控制这一结论的准确性; 而用垦农 4 哈 90- 33- 2为亲本的两回交组合 BC_i 群体的抗感分离比例为 1∶ 3,经 X² 测验,吻合性较好,同样支持抗源哈 91R₃- 301,哈 91R₃- 310对 SMV3号 (173)株系的抗性是由二对互补显性基因控制的结论。

表 2 感× 抗组合的 F₂群体对 SMV3号 (173)株系的抗性反应

Table 2 Reaction of F ₂ population from susceptible× resistant to No. 3 strain of Soybean Mosaic Virus						
组合	总株数	抗病株 R	感病株 S	期望比例 $\sum x p \text{ ratio}$	X ²	P
C ₁	145	66(63)	79(81)	7∶ 9	0. 1739	0. 5~ 0. 75
C ₂	488	232(214)	256(275)	7∶ 9	2. 8720	0. 05~ 0. 10
C ₃	344	199(194)	145(151)	9∶ 7	0. 3480	0. 05~ 0. 75
C ₄	519	289(292)	230(227)	9∶ 7	0. 640	0. 75~ 0. 90

表 3 回交组合 BC_i 群体对 SMV3号株系的抗性反应

Table 3 Reaction of back cross progenies to No. 3 (173) strain of Soybean Mosaic Virus							
组合 Cross	总株数 To tal	抗病株 R	感病株 S	期望 比例	X ²	P	
合丰 25× (合丰 25× 哈 91R ₃ - 182)	54	42	12	3∶ 1	0. 10	0. 75~	0. 90
Hefeng 25× (Hefeng 25× Ha91R ₃ - 182)							
合丰 35× (合丰 35× 哈 91R ₃ - 188)	44	34	10	3∶ 1	0. 03	0. 75~	0. 90
Hefeng 35× (Hefeng 35× Ha91R ₃ - 188)							
垦农 4× (垦农 4× 哈 91R ₃ - 301)	43	13	30	1∶ 3	0. 38	0. 5~	0. 75
Kennong 4(Kennong 4× Ha91R ₃ - 301)	41	9	32	1∶ 3	0. 07	0. 75~	0. 9
哈 90- 33- 2× (哈 90- 33- 2× 91R ₃ - 310							
Ha- 90- 33- 2× (Ha90- 33- 2× 91R ₃ - 310)							

讨 论

1.大豆对大豆花叶病毒 (SMV)的抗性属质量性状遗传,其遗传方式具有多样性,抗性是由单显(或隐)性基因或复等位基因控制的,因毒系和亲本材料的遗传背景而异. 本试验结果中,哈 91R₃- 301 哈 91R₃- 310,抗源对 SMV 3号 (173)株系的成株抗性是由二对互补显性基因控制的,与陈怡、栾晓燕 1994年的研究结果相似;抗源哈 91R₃- 182 哈 91R₃- 188,其成株抗性是由二对互补隐性基因控制的,与孙志强等研究结果有相吻合也有不同之处。

2.大豆花叶病毒存在着株系分化现象,各地区的株系划分不一致. 本研究应用的是在东北地区日趋流行,且危害严重的东北 SMV 3号株系中的 173强毒株,在创新出抗源的基础上,明确了文中 4个抗源对 SMV 3号 (173)株系的抗性遗传规律,为大豆抗花叶病毒

病育种提供了优异的基因源,可作为东北地区抗 SMV 育种的理想抗源

3. 文中 4 个抗源是我所应用几个引用抗源杂交选育而成,具有熟期适中,分枝力强,较抗倒伏等优点,根据其遗传特点和我们的育种经验,笔者认为在应用这些抗源时,采用与当地丰产性较好的材料杂交再回交的育种方式其选择效果更为有效

参 考 文 献

- [1] 严隽析等, 1984, 大豆科学, (4) 249~ 258
- [2] 孙志强等, 1990, 中国油料, (2) 20~ 23
- [3] 胡蕴珠等, 1985, 南京农业大学学报, (3) 17~ 21
- [4] 陈怡、栾晓燕等, 1994,《东北大豆种质资源拓宽与改良》论文集, 171~ 173
- [5] Willcox J. R. 1968, Phytopathology 58, 1446~ 1447
- [6] Buzzell R. I. and J. C. Ju 1989, J. Heredity 80, 400~ 401

INHERITANCE OF SOYBEAN PLANT RESISTANT TO NOⅢ (173) STRAIN OF SOYBEAN MOSAIC VIRUS

Luan Xiaoyan

(Soybean Research Institute Heilongjiang Academy of Agricultural
Sciences. Harbin 150086)

Abstract

Heredity characteristics and utilization value of 4 parents resistant to Soybean Mosaic Virus (SMV) had been revealed by analysis of F_1 , F_2 and BC₁ population from the crosses among them. Ha 91R₃-182, Ha 91R₃-188 had two recessive complementary genes resistant to No. III strain of SMV. The segregation ratio in F_2 between resistant and susceptible was 7: 9. Ha 91R₃-310 had two dominant complementary genes controlling resistance to No. III strain of SMV, the segregation ratio in F_2 between resistant and susceptible was 9: 7. The four soybean germplasm are highly resistant germplasms for breeding of soybean resistance to SMV in Northeast areas.

Key words Soybean; Mosaic Virus Strain; Resistant; Genes