

大豆对大豆花叶病毒 SC-11 株系抗性的遗传及基因定位

白 丽,李海朝,马 莹,王大刚,刘 宁,智海剑

(南京农业大学国家大豆改良中心,作物遗传与种质创新国家重点实验室,江苏 南京 210095)

摘 要:大豆花叶病毒病(soybean mosaic virus, SMV)是世界性大豆病害,严重危害大豆的产量和质量。SC-11 为我国黄淮夏大豆区以及北方春大豆区 SMV 主要流行株系。研究大豆品种对 SC-11 的抗性遗传方式,不同大豆材料对 SC-11 抗性位点的等位性关系,并对抗性基因进行了 SSR 标记定位。结果表明:齐黄 1 号对 SC-11 的抗性由一对显性基因(R_{SC-11})控制;齐黄 1 号、齐黄 22、广吉和早熟 18 对 SC-11 的抗病基因是等位的或紧密连锁的;经分离群体组群分析法研究发现,齐黄 1 号抗 SC-11 的位点 R_{SC-11} 位于 F 连锁群,与 SSR 标记 Satt114、Satt334、Sat_234 和 Sct_033 紧密连锁,距离分别为 11.1 cM、8.9 cM、4.6 cM 和 4.7 cM;选取 F 连锁群上亲本间有多态的 18 对引物构建了 F 连锁群的遗传图谱,全长 254.8 cM,标记间平均距离为 13.41 cM。研究结果为大豆抗病育种以及抗性基因的精细定位和图位克隆奠定了基础。

关键词:大豆花叶病毒;抗性遗传;等位性;基因定位;分子遗传连锁图

中图分类号:S565.1

文献标识码:A

文章编号:1000-9841(2009)01-0001-06

Inheritance and Gene Mapping of Resistance to Soybean Mosaic Virus Strain SC-11 in Soybean

BAI Li, LI Hai-chao, MA Ying, WANG Da-gang, LIU Ning, ZHI Hai-jian

(National Center for Soybean Improvement, National Key Laboratory for Crop Genetics and Germplasm Enhancement, Nanjing Agricultural University, Nanjing 210095, Jiangsu, China)

Abstract: Soybean mosaic virus (SMV) is one of major viral diseases in soybean production worldwide. It causes yield loss and seed quality deficiency seriously. SMV strain SC-11 is a common prevalent strain in both of the Huang-Huai summer planting soybean region and the northern China spring planting soybean region. The major objectives of this research were to determine the inheritance of resistance, test the allelism of the resistance genes among the resistant cultivars, map the resistant gene to SC-11. The results showed that Qihuang No. 1 has a single dominant resistance gene to SC-11. The resistance genes to SC-11 among Qihuang No. 1, Qihuang 22, Kwanggyo and Zaoshu 18 were allelic. Bulk segregant analysis (BSA) demonstrated that in the F_2 mapping population from Qihuang No. 1 \times Nannong1138-2, four SSR markers Satt114, Satt334, Sat_234 and Sct_033 in F linkage group were found closely linked to R_{SC-11} , with genetic distances of 11.1 cM, 8.9 cM, 4.6 cM and 4.7 cM, respectively. R_{SC-11} was located between Sat_234 and Sct_033 in F linkage group. Using 18 SSR markers locating in F linkage group of the integrated joint map and expressing polymorphism between the two parents, the genetic map of the F linkage group was constructed. The full length of the linkage group is 245.8 cM with an average interval of 13.41 cM between two markers.

Key words: Soybean mosaic virus (SMV); Resistance inheritance; Allelism; Gene mapping; Molecular genetic linkage map

大豆花叶病毒(soybean mosaic virus, SMV)病是世界上危害大豆生产的主要病害之一,严重影响大豆的产量与质量。SMV 存在明显的株系分化,南京农业大学国家大豆改良中心^[1-3]将我国大豆产区的

SMV 初步划分为 SC-1 ~ SC-17 共 17 个株系。其中新鉴定出的 SC-11 分布范围很广,是黄淮中北部大豆产区以及北方春大豆产区的主要流行株系。

大豆对 SMV 的抗性遗传研究起自 20 世纪 70

收稿日期:2008-09-26

基金项目:国家自然科学基金资助项目(30571176);国家科技支撑计划资助项目(2006BAD01A04);国家高技术研究发展计划(863 计划)资助项目(2006A10A111);高等学校创新引智计划资助项目(Supported by the 111 project)(B08025)。

作者简介:白丽(1982-),女,硕士研究生,现从事大豆抗病遗传育种研究。

通讯作者:智海剑,教授,博士。E-mail:zhj@njau.edu.cn。

年代开始, Kiihl 等^[4], Buzzell 等^[5], Buss 等^[6], 张玉东等^[7]研究表明, 大豆对 SMV 的抗性由 1 对显性基因控制。随着分子生物学的日益发展, 利用分子标记技术对抗性基因定位取得显著成效, Yu 等^[8], Jeong 等^[9] 和 Hayes 等^[10] 应用 SSR、RFLP 和 AFLP 标记分别把抗 SMV 的抗性基因 *Rsv1*、*Rsv3* 和 *Rsv4* 定位到 F、B2 和 D1b 连锁群上。王永军等^[11] 把 5 个对国内 SMV 不同株系的抗病基因定位到 N8-D1b + W 连锁群上; Li 等^[12] 利用齐黄 1 号 × 南农 1138-2 的 F₂ 群体将抗性基因 *R_{SC14Q}* 定位到 F 连锁群上, 并找到 3 个 SSR 标记与抗病基因紧密连锁, 排列顺序和距离为 Sat_234 5.8cM Satt334 1.4cM *R_{SC14Q}* 2.8cM Sct_033。

分析大豆品种对我国大豆主产区 SMV 流行株系 SC-11 的抗性遗传规律, 明确不同材料对 SC-11 抗性的等位性关系, 用 SSR 标记定位抗性基因, 利用亲本间呈现多态的 SSR 引物构建抗性基因所在连锁群的 SSR 标记图谱, 为进一步的抗病基因精细定位和图位克隆以及利用分子标记辅助抗性基因的选择奠定基础。

1 材料和方法

1.1 材料

以抗 SC-11 的齐黄 1 号为母本, 感病品种南农 1138-2 为父本进行杂交, 杂种 F₁ 自交得到 F₂, 共 282 个单株, F₂ 自交得到 F_{2,3}, 共 163 个家系。利用抗 SC-11 的齐黄 1 号、广吉、齐黄 22 和早熟 18 为亲本, 配置齐黄 1 号 × 广吉、齐黄 1 号 × 齐黄 22 和齐黄 22 × 早熟 18 等抗 × 抗组合, 加代获得 F₂。

SMV 株系为我国黄淮夏大豆区以及北方春大豆区 SMV 主要流行株系 SC-11 和黄淮中北部侵染广谱抗源科丰 1 号的强毒株系 SC-14^[2]。病毒株系在感病材料南农 1138-2 上繁殖保存。

1.2 遗传学分析

各组合 P₁、P₂、F₁、F₂ 和 F_{2,3} 在防虫网室内盆栽, 在第一对真叶完全展开时人工摩擦接种 SMV, 抗感划分标准和调查方法与李海朝等^[13] 相同。将杂交各组合分离世代的抗感表型调查结果与预期的理论比率进行卡方适合性测验。

1.3 SSR 分析

基因组 DNA 使用 CTAB 法提取, 从齐黄 1 号 × 南农 1138-2 的 F₂ 群体中随机选取抗病和感病植株各 15 株的 DNA 等量 (约 1 μg) 混合形成抗池和

感池。

选用 939 对大豆 SSR 引物 (根据 Soybase 网址 (<http://129.186.26.94/>) 提供的 SSR 引物序列, 由上海英骏生物技术公司合成。) 在亲本齐黄 1 号和南农 1138-2 中进行筛选。PCR 反应体系为 15 μL, 其中模板 DNA 为 3 μL (20 ng·μL⁻¹), 引物 3 μL, Tag 酶 0.1 μL (5 U·μL⁻¹), dNTP 0.24 μL (10 mmol·L⁻¹), 10 × Buffer 1.36 μL, Mg²⁺ 0.8 μL (25 mmol·L⁻¹), 补充 ddH₂O 至 15 μL, 石蜡油覆盖。PCR 反应程序为: 94℃ 预变性 3 min; 95℃ 变性 1 min, 55℃ 退火 110 s, 72℃ 延伸 60 s, 30 个循环; 72℃ 保温 8 min。PCR 产物中加入 2 μL Loading Buffer, 取 3 μL 混合液在 8% 聚丙烯酰胺胶上 200 V 恒电压下电泳 1.5 h 分离扩增产物, 然后银染检测。

抗感池中筛选在亲本间有多态的 SSR 引物, 进而将抗感池间有多态的引物对 F₂ 群体电泳分析, 进行抗性基因标记定位。用 F 连锁群上亲本间有多态的引物对 F₂ 群体电泳分析, 进行 F 连锁群的图谱构建。将各单株的带型按亲本类型归类, 与亲本齐黄 1 号带型相同者赋值为 1, 与亲本南农 1138-2 带型相同者赋值为 2, 与杂交种 F₁ 带型相同者赋值为 3, 由于各种原因造成的带型不清楚或数据缺失者赋值为 0。F₂ 表型调查抗病株赋值为 5, 感病株赋值为 2。应用 Mapmaker/Exp3.0 软件进行连锁分析, LOD = 3.0, 错误检测水平设为 1%, 采用 Kosambi 函数将重组率转换成图距单位 cM, 最后用 MapDraw 绘制连锁图^[14]。

2 结果与分析

2.1 大豆对 SC-11 株系的抗性遗传及等位性研究

抗病性鉴定 (表 1) 表明齐黄 1 号、齐黄 22、广吉和早熟 18 对 SC-11 表现抗病, 南农 1138-2 表现感病。齐黄 1 号 × 南农 1138-2 的 F₁ 表现抗病, F₂ 出现抗感分离, 经 χ^2 测验 F₂ 符合 3 抗: 1 感分离比率, 表明齐黄 1 号对 SC-11 的抗性是由一对显性基因控制, 以 *R_{SC-11}* 表示。这一结果与李海朝等^[13] 报道大豆品种对 SC-11 的抗性遗传由一对显性基因控制的结果一致。

齐黄 1 号 × 广吉、齐黄 1 号 × 齐黄 22 和齐黄 22 × 早熟 18 的 F₁ 和 F₂ 全部表现为抗病 (表 1), 表明齐黄 1 号、齐黄 22、广吉和早熟 18 所携带的对 SC-11 的抗病基因是等位的或紧密连锁的。

表 1 不同杂交组合各世代对 SC-11 的抗性反应

Table 1 Segregation analysis of resistance to SC-11 in different crosses

亲本或后代 Cross or parent	株数 No. of plants				χ^2	P
	总株数 Total	抗 Resist- ance	坏死 Necrosis	感 Suscepti- bility		
齐黄 1 号(P ₁)	20	20	0	0	0.568 0.25 ~ (3:1) 0.50	
Qihuang No. 1(P ₁)						
F ₁	13	10	3	0		
F ₂	284	172	47	65		
南农 1138-2(P ₂)	20	0	0	20		
Nannong 1138-2(P ₂)						
齐黄 1 号(P ₁)	20	20	0	0		
Qihuang No. 1(P ₁)						
F ₁	11	11	0	0		
F ₂	132	132	0	0		
广吉(P ₂)	20	20	0	0		
Kwanggyo(P ₂)						
齐黄 1 号(P ₁)	20	20	0	0		
Qihuang No. 1(P ₁)						
F ₁	9	9	0	0		
F ₂	161	161	0	0		
齐黄 22(P ₂)	20	20	0	0		
Qihuang 22(P ₂)						
齐黄 22(P ₁)	20	20	0	0		
Qihuang 22(P ₁)						
F ₁	9	9	0	0		
F ₂	143	143	0	0		
早熟 18(P ₂)	20	20	0	0		
Zaoshu 18(P ₂)						

表 2 由 F_{2:3}家系的抗性表型推断的 F₂单株基因型Table 2 Genotype of F₂ individuals deduced by the segregation of resistance of F_{2:3}

杂交组合 Crosses	F ₂ 各表型数目 The number of each phenotype of F ₂							χ^2	P
	抗 SC-11	抗 SC-14	抗 SC-11 感 SC-14	感 SC-11 抗 SC-14	感 SC-11 感 SC-14	感 SC-11 感 SC-14	感 SC-11 感 SC-14		
齐黄 1 号 × 南农 1138-2	R_{SC-11}	R_{SC-14Q}	$R_{SC-11}r_{SC-14Q}$	$r_{SC-11}R_{SC-14Q}$	$r_{SC-11}r_{SC-14Q}$	$r_{SC-11}r_{SC-14Q}$	$r_{SC-11}r_{SC-14Q}$	(9:3:3:1)	<0.005
Qihuang No. 1 × Nannong 1138-2	123	17	12	11	28.051				

根据 Song 等^[15]整合的微卫星标记公共图谱(图 2c), R_{SC-11} 和 R_{SC-14Q} 都处于 F 连锁群, 且与 Sct_033 紧密连锁, 连锁距离分别为 4.7cM 和 2.8cM(图 2:a,b)。前述表型分离分析结果也证明两个抗性基因处于同一连锁群上的不同位点, 且存在一定程度的连锁。分子数据与表型分离分析结果一致。

选取 F 连锁群上在亲本之间有多态的引物 18 对, 构建了 F 连锁群的遗传图谱, 该图谱全长 254.8cM, 标记间平均距离为 13.41cM, 与“公共图谱”有较好的标记对应关系(图 2:b,c)。

Li 等^[12]报道齐黄 1 号具有 1 个对 SC-14 株系的抗性基因 R_{SC-14Q} , 为确定齐黄 1 号对 SC-11 和 SC-14 的抗性是否是同一抗性基因, 采用同期隔离抗性鉴定的方法对齐黄 1 号 × 南农 1138-2 的 F_{2:3} 家系进行了针对 SC-11 和 SC-14 的抗性鉴定, 结果发现, 不仅有对两个株系均表现抗或感的家系, 也有对一个株系表现抗病而对另一株系感病的家系, 由此判断对两个株系的抗性分别由不同基因控制。并由 F_{2:3} 家系的抗性表现推断出 F₂ 单株的表现型和基因型(表 2)。卡方测验显示, F₂ 群体不符合 9:3:3:1 的分离比例, 由此初步推断两抗性基因可能是处于同一连锁群上的两个不同基因。

2.2 抗性基因 R_{SC-11} 的标记定位及 F 连锁群 SSR 标记图谱构建

在齐黄 1 号和南农 1138-2 间共筛选 SSR 引物 939 对, 其中表现多态性的 SSR 引物 334 对。经分离群体组群分析法(BSA)研究发现, 4 个 SSR 标记 Satt114、Satt334、Sat_234 和 Sct_033 在抗感亲本和抗感池间均表现多态(图 1), 说明这 4 个标记都与 R_{SC-11} 紧密连锁。根据 Song 等^[15]整合的微卫星标记公共图谱, 将 R_{SC-11} 定位到 F 连锁群上。用这 4 个标记检测 F₂ 作图群体, Mapmaker 3.0 软件分析表明, 这 4 个标记与 R_{SC-11} 的位置关系及遗传图距为 Satt114 2.2cM Satt334 4.3cM Sat_234 4.6cM R_{SC-11} 4.7cM Sct_033(图 2b)。

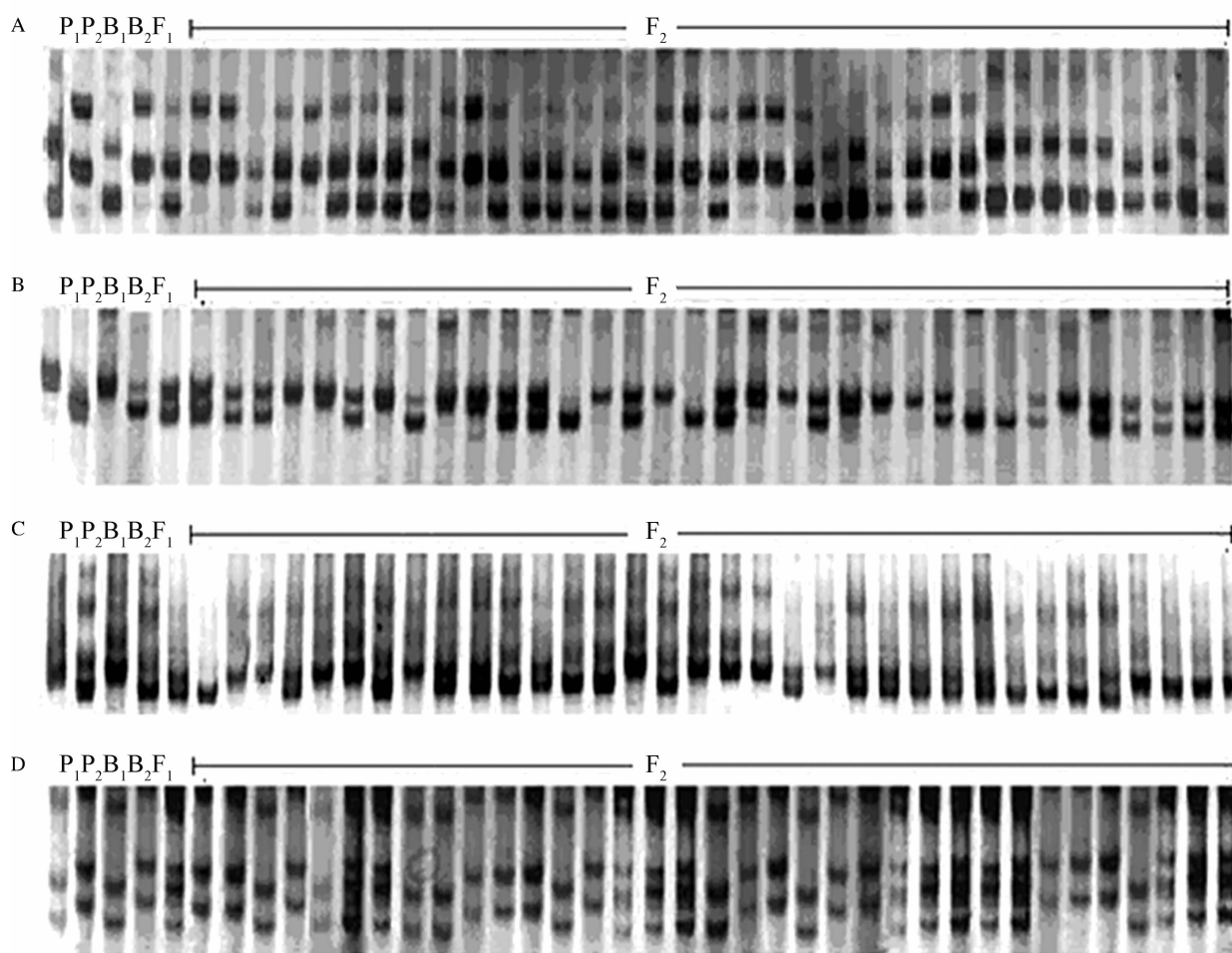
3 讨论

3.1 抗病基因成簇存在

把 R_{SC-11} 定位到 F 连锁群上, 对 SMV 其它株系的抗病基因 $Rsv1$ ^[8]、 R_{SC-14Q} 、 R_{SC-14} ^[12]、 R_{SMV3} ^[16] 也处于该连锁群。除此之外, F 连锁群上还有对其它病害的抗病基因 $Rpg1$ ^[17]、 $Rps3$ ^[18]、 $Rpv1$ ^[19]。据王永军等^[11]报道对 5 个 SMV 株系的抗性基因($Rsc-8$ 、 $Rn1$ 、 $Rn3$ 、 Rsa 、 $Rsc-9$)连锁同处于大豆 N8-D1b + W 连锁群上, 另外, Fu Sanxiong 等^[20]发现抗性基因 $Rsc-7$ 也在该连锁群上。大豆抗病基因在连锁群上

成簇存在,这一现象为进一步定位其它抗病基因和比较抗病基因的进化关系提供了新思路,如何有效

利用富含多个抗性基因的这一 DNA 片段是值得关注的研究方向。



P₁-齐黄 1 号, P₂-南农 1138-2, B₁-抗池, B₂-感池, A-引物 Satt114, B-引物 Satt334, C-引物 Sat_234, D-引物 Sct_033

P₁-Qihuang NO. 1, P₂-Nannong 1138-2, B₁-Resistant bulk, B₂-Susceptible bulk, A-Satt114, B-Satt334, C-Sat_234, D-Sct_033

图 1 分子标记在 F₂ 群体中与 R_{sc-11} 的连锁分析电泳图

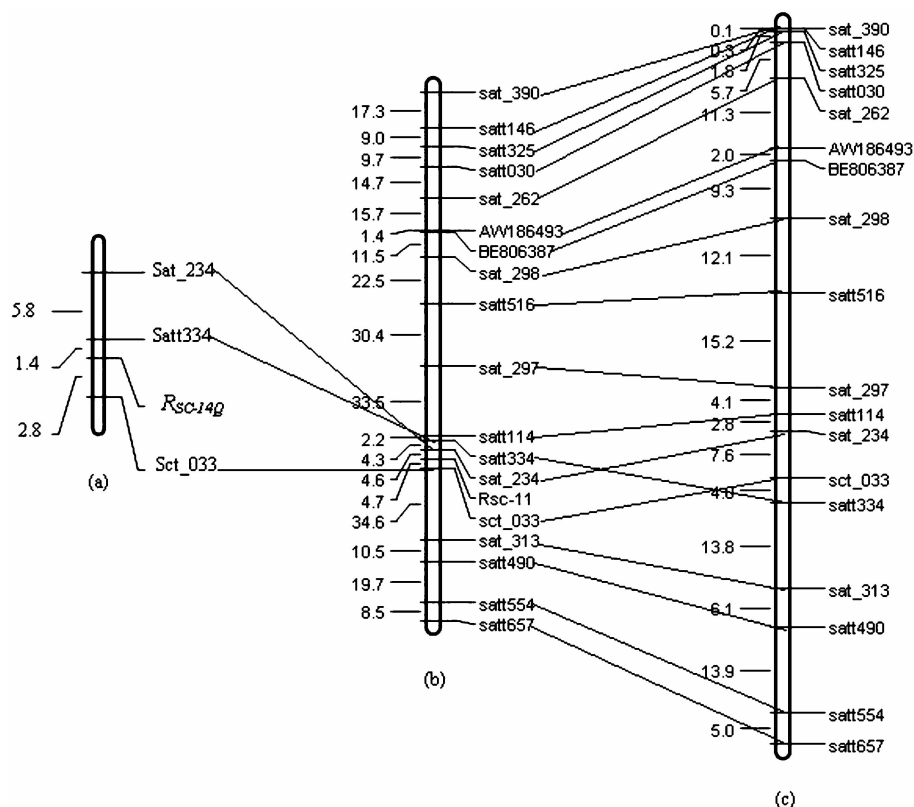
Fig. 1 Co-segregation between molecular markers and R_{sc-11} in F₂ population

3.2 R_{sc-11} 的定位及 F 连锁群遗传图谱的构建

对于构建图谱所用的群体,国外研究者多数用 F₂ 群体,国内研究者多数用 RIL 群体,两种群体各有利弊,RIL 群体是永久性群体,可以做更多的研究,其重组程度高,可以区分图谱上距离很近的标记,但群体常常发生异常偏分离;F₂ 群体不易发生偏分离,但它是临时性群体,用其构建的图谱不能进行广泛研究^[21]。采用齐黄 1 号 × 南农 1138-2 的 F₂ 群体,在构建 F 连锁群图谱时,18 对 SSR 引物无一出现偏分离现象,与“公共图谱”的标记对应关系也较好,全长 254.8 cM,标记间平均距离为 13.41 cM,合乎连锁框架图的要求。

F 连锁群中 Satt334 与“公共图谱”的标记顺序不同,与 Li 等^[12] 的 R_{sc-14Q} 的分子标记连锁图的顺序也不同(图 2),前者可能是由于不同的材料基因组结构不同所导致,后者不同可能与群体大小有关。图谱中存在 4 个 20 cM 以上的无标记区,可能是亲本之间在这些染色体区域缺乏多态性,或者染色体结构发生了较大的变异。

研究与抗性基因 R_{sc-11} 紧密连锁的 SSR 标记及 R_{sc-11} 所在连锁群遗传图谱的构建不仅可用于分子标记辅助育种,而且为抗性基因的精细定位进而图位克隆抗性基因奠定了基础。



(a) R_{SC-14Q} 定位图谱(文献[12]); (b) R_{SC-11} 定位及 F 连锁群图谱; (c) 公共图谱(文献[15])

(a) Gene mapping of R_{SC-14Q} (Reference[12]); (b) Gene mapping of R_{SC-11} and F linkage group; (c)

The new integrated genetic linkage map of F of soybean(Reference[15])

图 2 构建的 F 连锁群

Fig. 2 F linkage group of soybean

参考文献

- [1] 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. (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.)
- [2] 郭东全, 智海剑, 王延伟, 等. 黄淮中北部地区大豆花叶病毒株系的鉴定与分布[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.)
- [3] 王延伟, 智海剑, 郭东全, 等. 中国北方春大豆区大豆花叶病毒株系的鉴定与分布[J]. 大豆科学, 2005, 24(4): 263-268. (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, 2005, 24(4): 263-268.)
- [4] Kiihl R A S, Hartwig E E. Inheritance of reaction to soybean mosaic virus in soybeans[J]. Crop Science, 1979, 19: 372-375.
- [5] Buzzell R I, Tu J C. Inheritance of a stem tip necrosis reaction to soybean mosaic virus [J]. The Journal of Heredity, 1989, 80(5): 400-401.
- [6] Buss G R, Roane C W, Tolin S A, et al. Inheritance of reaction to soybean mosaic virus in two soybean cultivars [J]. Crop Science, 1989, 29: 1439-1441.
- [7] 张玉东, 盖钧镒, 马育华, 等. 大豆对两个大豆花叶病毒本地株系抗性的遗传研究[J]. 作物学报, 1989, 15(3): 213-220. (Zhang Y D, Gai J Y, Ma Y H, et al. Inheritance of resistance to two local soybean mosaic virus strains S_A and S_C in soybeans[J]. Acta Agronomica Sinica, 1989, 15(3): 213-220.)
- [8] Yu Y G, Saghai-Maroo M A, Buss G R, et al. RFLP and microsatellite mapping of a gene for soybean mosaic virus resistance [J]. Phytopathology, 1994, 84(1): 60-64.
- [9] Jeong 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(1): 265-270.
- [10] Hayes A, Ma G, Buss G R. Molecular mapping of $RSV4$, a gene conferring resistance to all known strains of soybean mosaic virus [J]. Crop Science, 2000, 40: 1434-1437.
- [11] 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, Dong-

- fang 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.)
- [12] Li H C, Zhi H J, Gai J Y, et al. Inheritance and gene mapping of resistance to soybean mosaic virus strain SC14 in soybean [J]. *Journal of Integrative Plant Biology*, 2006, 48 (12): 1466-1472.
- [13] 李海朝, 智海剑, 白丽, 等. 大豆对 SMV 株系 SC-11 的抗性遗传及抗病基因的等位性研究 [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 SC-11 in soybean [J]. *Soybean Science*, 2006, 25 (4): 365-368.)
- [14] 刘仁虎, 孟金陵, Mapdraw, 在 Excel 中绘制遗传连锁图的宏 [J]. *遗传*, 2003, 25 (3): 317-321. (Liu R H, Meng J L. MapDraw: A microsoft Excel macro for drawing genetic linkage maps based on given genetic linkage data [J]. *Hereditas*, 2003, 25 (3): 317-321.)
- [15] Song Q J, Marek L F, Shoemaker R C, et al. A new integrated genetic linkage map of the soybean [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2004, 109 (1): 122-128.
- [16] 滕卫丽, 李文滨, 邱丽娟, 等. 大豆 SMV3 号株系抗病基因的 SSR 标记 [J]. *大豆科学*, 2006, 25 (3): 244-248. (Teng W L, Li W B, Qiu L J, et al. Identification of SSR marker linked to the resistance gene of SMV3 in soybean [J]. *Soybean Science*, 2006, 25 (3): 244-248.)
- [17] Ashfield T, Danzer J R, Held D, et al. *Rpg1*, a soybean gene effective against race of bacterial blight, maps to a cluster of previously identified disease resistance genes [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 1998, 96: 1013-1021.
- [18] Diers B W, Mansur L, Imsande J, et al. Mapping phytophthora resistance loci in soybean with resistance fragment length polymorphism markers [J]. *Crop Science*, 1992, 32: 377-383.
- [19] Roane C W, Tolin S A, Buss G R. Inheritance of reaction to two viruses in the soybean cross York Lee 68 [J]. *Journal of Heredity*, 1983, 74: 289-291.
- [20] Fu S X, Zhan Y, Zhi H J, et al. Mapping of SMV resistance gene *R_{SC-7}* by SSR markers in soybean [J]. *Genetica*, 2006, 128: 63-69.
- [21] 巩鹏涛, 木金贵, 赵金荣, 等. 一张含有 315 个 SSR 和 40 个 AFLP 标记的大豆分子遗传图的整合 [J]. *分子植物育种*, 2006, 4 (3): 309-316. (Gong P T, Mu J G, Zhao J R, et al. An integrated soybean genetic linkage map comprising 315 SSRs and 40 AFLPs [J]. *Molecular Plant Breeding*, 2006, 4 (3): 309-316.)

超高产、高油、多抗、广适应性大豆品种合丰 45 号的选育与推广项目获黑龙江省政府科学技术一等奖

由黑龙江省农科院佳木斯分院主持的“超高产、高油、多抗、广适应性大豆品种合丰 45 号的选育与推广”项目获 2008 年黑龙江省政府科学技术一等奖。

1 技术思路

针对生产品种产量低, 含油量低, 抗性差的现状, 通过聚合国内外含有目标性状的优异基因, 扩大选择群体, 增大选择压力, 对抗性、品质和产量分步选择的方法和适应性鉴定, 育成超高产、高油、多抗的合丰 45 号。

2 技术经济指标

(1) 超高产: 2000 ~ 2001 年区域试验平均产量 $2920.5 \text{ kg} \cdot \text{hm}^{-2}$, 较合丰 25 增产 15.2%, 2002 年生产试验平均产量 $2826.0 \text{ kg} \cdot \text{hm}^{-2}$, 较对照绥农 14 增产 16.4%, 高产示范 5 hm^2 平均产量 $4344.0 \text{ kg} \cdot \text{hm}^{-2}$, 创较大面积高产典型。

(2) 抗三种主要病害: 经指定单位鉴定抗灰斑病、疫霉根腐病、中抗大豆花叶病毒病 SMV1 株系。

(3) 高油: 经指定单位分析, 平均含油量 21.51%。

(4) 短时间内推广速度快、应用面积大、效益高: 合丰 45 号 2003 ~ 2008 年累计推广 215.2 万 hm^2 , 生产商品大豆 62.9 亿 kg, 创产值效益 211.1 亿元; 纯增大豆 8.3 亿 kg, 创社会效益 30.4 亿元。

3 促进行业科技进步及应用推广情况

合丰 45 自 2003 年在黑龙江省推广以来, 扩大引种推广到内蒙、吉林等全国十多个省区种植, 面积逐年迅速扩大, 由 2003 年的 4.66 万 hm^2 至 2008 年扩大到 60.95 万 hm^2 , 产生了巨大经济效益。合丰 45 于 2000 年列为国家大豆振兴计划主推高油品种, 2007、2008、2009 年连续三年列为全国大豆生产主导推广品种, 为 2006 ~ 2008 年黑龙江省和 2006 年全国大豆年面积最大的推广品种, 2008 年推广面积达到 60.95 万 hm^2 , 占适宜种植区域大豆种植面积的 65.3%; 占全国大豆种植面积的 7.3%。合丰 45 的推广提高了我国大豆的市场竞争力, 使农民和企业收到了巨大经济效益; 其做为高油、超高产、多抗的优异资源已被各育种单位所利用并收到了显著的遗传效应, 对提高我国大豆育种水平有重要的影响; 合丰 45 的大面积推广对减少农药污染, 保护环境和绿色大豆生产都有重要意义。