

DOI: 10.3724/SP.J.1006.2012.00202

大豆花叶病毒(SMV)株系 SC4 和 SC8 的抗性遗传分析

王大刚^{1,2} 马莹¹ 刘宁¹ 郑桂杰¹ 杨中路¹ 杨永庆¹ 智海剑^{1,*}

¹南京农业大学大豆研究所 / 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; ²安徽省农业科学院作物研究所 / 安徽省农作物品质改良重点实验室, 安徽合肥 230031

摘要: 选用我国黄淮和长江流域大豆产区发生频繁的 SMV 株系 SC4 和 SC8, 利用大豆抗病材料和感病材料配制抗感和抗抗杂交组合, 研究抗病材料对 SC4 和 SC8 株系的遗传方式以及不同大豆材料对 SMV 抗性基因位点间的等位性关系。结果表明, 接种 SC4 株系后, 由冀 LD42、徐豆 1 号、跃进 4 号、科丰 1 号、PI96983、晋大 74、汾豆 56、大白麻和齐黄 22 为抗源配制的 9 个抗感组合的 F₁ 均表现抗病, 经卡方测验, F₂ 抗感分离比例 3 : 1, F_{2,3} 家系分离比例为 1(抗) : 2(分离) : 1(感), 表明这些抗源均有 1 对基因控制对 SC4 株系的抗性, 且抗病表现为显性; 5 个抗抗组合的 F₁ 均表现抗病, F₂ 群体分离比例 15(抗) : 1(感), 表明大白麻与汾豆 56、科丰 1 号和齐黄 1 号携带抗 SC4 的基因是不等位的, 冀 LD42 与汾豆 56、晋大 74 与中作 229 是不等位的。接种 SC8 株系后, 用齐黄 1 号、中作 229、NY58、科丰 1 号、PI96983、晋大 74、汾豆 56、大白麻和齐黄 22 为抗源配制的抗感组合杂交后代分离符合 1 对基因的分离比例且 F₁ 均表现抗病, 说明这些品种对 SC8 株系的抗性也均由 1 对显性基因控制。抗抗组合晋大 74×汾豆 56 接种 SC8 株系后的 F₂ 群体全部表现抗病, F_{2,3} 家系没有抗感分离, 表明抗病品种晋大 74 与汾豆 56 携带的抗病基因是等位的; 齐黄 1 号×科丰 1 号、大白麻×汾豆 56 的 F₂ 群体分离比例 15(抗) : 1(感), 表明抗病亲本齐黄 1 号与科丰 1 号、大白麻与汾豆 56 携带抗 SC8 的基因是不等位的, 而且独立遗传。

关键词: 大豆; 大豆花叶病毒; 抗性遗传; 等位性

Inheritance of Resistances to Soybean Mosaic Virus Strains SC4 and SC8 in Soybean

WANG Da-Gang^{1,2}, MA Ying¹, LIU Ning¹, ZHENG Gui-Jie¹, YANG Zhong-Lu¹, YANG Yong-Qing¹, and ZHI Hai-Jian^{1,*}

¹National Key Laboratory for Crop Genetics and Germplasm Enhancement / Soybean Research Institute of Nanjing Agriculture University / National Center for Soybean Improvement, Nanjing 210095, China; ²Crop Institute of Anhui Academy of Agricultural Sciences / Key Laboratory of Crop Quality Improvement of Anhui Province, Hefei 230031, China

Abstract: Soybean mosaic virus (SMV) disease is one of the most destructive viral diseases worldwide, resulting in significant yield losses and seed-quality deterioration in soybean [*Glycine max* (L.) Merr.]. Utilization of resistant varieties is the most economical and environmentally safe approach to controlling this disease. The SMV strains SC4 and SC8 were predominant and widespread in Huang-Huai-Hai and Yangtze valley in China. Twelve soybean resistant (R) cultivars were crossed respectively with susceptible (S) cultivars (Nannong 1138-2, NY30, NY185, 86-4, or 8101) to determine resistance to SC4 or SC8. Resistant parent was also crossed with each other to identify whether resistant genes from different cultivars are at the same or at different loci by the test of allelic relationships of the resistance genes. The experiments were performed under greenhouse/net-house conditions. The F₂ populations and F_{2,3} lines derived from all the possible crosses (R×S) exhibited a segregation pattern of 3R:1S and 1R:2segregating:1S ratio respectively when inoculated with the SMV strains SC4 and (or) SC8. The results indicated that Ji LD42, Xudou 1, Yuejin 4 and Qihuang 1, Zhongzuo 229, NY 58 carried a dominant resistant gene for SMV strains SC4 and SC8 respectively; Kefeng 1, PI96983, Jinda 74, Fendou 56, Dabaima, and Qihuang 22 carried single dominant resistant gene for both SC4 and SC8. The test of the allelism of the resistance genes to SC4 showed that the F₂ populations from R×R crosses exhibited a segregation pattern of 15R:1S. The results suggested that the resistance genes between Dabaima and Fendou 56, Kefeng 1,

本研究由国家自然科学基金项目(30571176), 高等学校学科创新引智计划(B08025)和国家大豆产业技术体系(CARS-004)项目资助。

* 通讯作者(Corresponding author): 智海剑, E-mail: zhj@njau.edu.cn, Tel: 025-84396463

第一作者联系方式: E-mail: smvwang@163.com, Tel: 0551-5160542

Received(收稿日期): 2011-07-22; Accepted(接受日期): 2011-10-17; Published online(网络出版日期): 2011-12-01.

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.1809.S.20111201.0921.012.html>

regation pattern of 15R:1S. The results suggested that the resistance genes between Dabaima and Fendou 56, Kefeng 1, Qihuang 1; between Ji LD42 and Fendou 56; and between Jinda 74 and Zhongzuo 229 were not at the same locus. Resistance reactions of F_2 and $F_{2,3}$ families to SC8 indicated that single dominant resistant gene in Jinda 74 and Fendou 56 was at a same locus or closely linked two loci. The resistance genes between Qihuang 1 and Kefeng 1 and between Dabaima and Fendou 56 were not at same locus for SC8. These results are useful to understand the genetic and allelomorphic relationship among various sources of resistance and make the better use of available germplasm in soybean resistance breeding programs.

Keywords: Soybean; Soybean mosaic virus; Inheritance of resistance; Allelism

大豆花叶病毒(soybean mosaic virus, SMV)病是世界大豆产区主要病害之一, 导致大豆严重减产和种子质量下降。培育和推广抗病品种是控制这一病害最经济、有效的方法, 而抗病育种的基础是抗性种质的鉴定以及阐明其对 SMV 的抗性遗传规律。国内外多数研究表明大豆对 SMV 的抗性受核基因控制, 没有细胞质效应^[1], 大豆品种对 SMV 多数株系的抗性由一对显性基因控制^[2-6]。此外, 由于试验品种、株系以及坏死植株的抗感归类方法不同, 也有 1 对隐性基因、2 对显性互补基因和 2 对隐性互补基因等不同抗性遗传方式的报道^[7-10]。

迄今, 国外已鉴定出 3 个控制大豆对 SMV 抗性的独立基因位点 *Rsv1*、*Rsv3* 和 *Rsv4*, 9 个大豆品种 York、Mashall、Kwanggyo、Ogden、PI96983、PI507389、Suweon97、LR1 和 Raiden 携带 *Rsv1* 基因^[1,8,11-12]; 3 个大豆品种 Columbia、Hardee 和 Harosoy 携带 *Rsv3* 基因^[13-14]; PI88788 和 V94-5152 携带 *Rsv4* 基因^[15-16]。在此期间, 国内也陆续报道了多个分别控制对 SMV 不同株系的抗性位点^[5-6,17-20], 同时也发现了对同一株系不等位的抗性基因^[4,21-22], 拓宽了抗 SMV 育种的抗性种质。

本研究利用抗性不同的材料为亲本, 配制抗感和抗抗杂交组合, 针对在我国黄淮和长江流域大豆产区广分布的 SMV 株系 SC4 和 SC8, 研究大豆对 SMV 各抗性材料对这两个 SMV 株系的抗性遗传方式以及抗性基因间的等位性关系, 为大豆抗 SMV 育种亲本选配和抗病育种的选育提供理论依据。

1 材料与方 法

1.1 试验材料

2007 年夏用抗病材料大白麻, 冀 LD42 (ZDD 23953)、汾豆 56(ZDD23963)、科丰 1 号(ZDD18394)、NY58、徐豆 1 号(ZDD04061)、晋大 74 (ZDD23985)、PI96983、齐黄 22 (ZDD09879)、跃进 4 号(ZDD02604)、中作 229 和齐黄 1 号(ZDD02572)与感病材料 8101 (ZDD21872)、NY30、NY185、86-4 (ZDD23383)和南农 1138-2 (ZDD11281)配制抗×感和抗×抗杂交组

合。同年冬将 F_1 代杂交种在海南省南繁加代, 自交得到 F_2 代种子。2008 年夏在南京农业大学江浦试验站播种部分 F_2 得 $F_{2,3}$ 种子。SMV 株系 SC4 和 SC8 由王修强等^[23]分离鉴定, 在感病品种南农 1138-2 上繁殖保存。以上试验材料由南京农业大学国家大豆改良中心提供。

1.2 试验方法

2009—2010 年将各组合的 P_1 、 P_2 、 F_1 、 F_2 和 $F_{2,3}$ 分别盆播种植在防虫网室内, 当第 1 对真叶完全展开时人工摩擦接种 SMV, 参照李海朝等^[4]的抗感划分标准和调查方法。对各组合分离世代的调查结果做 χ^2 适合性测验。

2 结果与分析

2.1 大豆对 SC4 株系的抗性遗传分析

2.1.1 抗性鉴定和遗传分析 接种 SMV 株系 SC4 后的结果(表 1)显示, 大白麻×南农 1138-2 及其反交南农 1138-2×大白麻的 F_1 均表现抗病, 正交 1047 株 F_2 中 797 株表现抗病, 250 株表现感病; 98 个 $F_{2,3}$ 家系中 26 个家系表现抗病, 22 个家系表现感病, 50 个家系出现抗感分离。反交 174 株 F_2 中 130 株表现抗病, 44 株表现感病; 57 个 $F_{2,3}$ 家系中 16 个家系表现抗病, 14 个家系表现感病, 27 个家系出现抗感分离。经卡方测验, 正反交组合的 F_2 抗感比均符合 3 : 1, $F_{2,3}$ 家系符合 1(抗) : 2(分离) : 1(感)的分离比例。表明大白麻对 SMV 株系 SC4 的抗性由 1 对显性基因控制, 且抗病由核基因控制, 不受细胞质影响。接种后在 F_1 、 F_2 以及 $F_{2,3}$ 家系中分别发现 5, 232 和 12 个坏死植株(家系), 这可能与杂合基因型有关。

抗病材料冀 LD42、科丰 1 号、徐豆 1 号、晋大 74、PI96983、齐黄 22、跃进 4 号分别和感病品种南农 1138-2 杂交以及 8101×汾豆 56 和 PI96983×86-4 共 9 个抗感杂交组合的 F_1 均表现抗病, 经卡方测验, F_2 抗感比符合 3 : 1, $F_{2,3}$ 家系符合 1(抗) : 2(分离) : 1(感)的分离比例, 说明冀 LD42、科丰 1 号、徐豆 1 号、晋大 74、PI96983、齐黄 22、跃进 4 号和汾豆 56 均各有 1 对基因控制对 SC4 株系的抗性, 且抗病

表1 抗感杂交组合各世代对SC4株系的抗性反应
 Table 1 Reaction of F₁, F₂ plants, and F_{2:3} lines derived from resistant (R) × susceptible (S) to strain SC4

亲本或后代 Cross or parent	株数或家系数 No. of plants or lines				χ^2	P
	总株数 Total	抗 R	分离 Seg.	感 S		
大白麻(P ₁) Dabaima(P ₁)	30	30				
F ₁	10	10				
F ₂	1047	797		250	0.70(3:1)	0.40
F _{2:3}	98	26	50	22	0.37(1:2:1)	0.83
南农 1138-2(P ₂) Nannong 1138-2(P ₂)	31			31		
南农 1138-2(P ₁) Nannong 1138-2(P ₁)	21			21		
F ₁	10	10				
F ₂	174	130		44	0.01(3:1)	0.93
F _{2:3}	57	16	27	14	0.30(1:2:1)	0.86
大白麻(P ₂) Dabaima(P ₂)	27	27				
冀 LD42(P ₁) Ji LD42(P ₁)	32	32				
F ₁	6	6				
F ₂	394	298		96	0.08(3:1)	0.77
F _{2:3}	114	32	57	25	0.85(1:2:1)	0.65
南农 1138-2(P ₂) Nannong 1138-2(P ₂)	33			33		
科丰 1号(P ₁) Kefeng 1(P ₁)	32	32				
F ₁	15	15				
F ₂	268	195		73	0.72(3:1)	0.40
F _{2:3}	87	20	44	23	0.22(1:2:1)	0.90
南农 1138-2(P ₂) Nannong 1138-2(P ₂)	27			27		
徐豆 1号(P ₁) Xudou 1(P ₁)	23	23				
F ₁	14	14				
F ₂	187	143		44	0.22(3:1)	0.64
F _{2:3}	53	15	25	13	0.32(1:2:1)	0.85
南农 1138-2(P ₂) Nannong 1138-2(P ₂)	20			20		
晋大 74(P ₁) Jinda 74(P ₁)	26	26				
F ₁	14	14				
F ₂	231	175		56	0.07(3:1)	0.79
F _{2:3}	94	27	47	20	1.04(1:2:1)	0.59
南农 1138-2(P ₂) Nannong 1138-2(P ₂)	22			22		
PI96983(P ₁)	19	19				
F ₁	15	15				
F ₂	228	174		54	0.21(3:1)	0.65
F _{2:3}	92	26	46	20	0.78(1:2:1)	0.68
南农 1138-2(P ₂) Nannong 1138-2(P ₂)	20			20		
齐黄 22(P ₁) Qihuang 22(P ₁)	27	27				
F ₁	9	9				
F ₂	127	109		28	1.52(3:1)	0.22
F _{2:3}	84	21	40	23	0.29(1:2:1)	0.87
南农 1138-2(P ₂) Nannong 1138-2(P ₂)	26			26		
跃进 4号(P ₁) Yuejin 4(P ₁)	18	18				
F ₁	16	16				
F ₂	293	221		72	0.03(3:1)	0.87

(续表 1)

亲本或后代 Cross or parent	株数或家系数 No. of plants or lines				χ^2	P
	总株数 Total	抗 R	分离 Seg.	感 S		
F _{2:3}	83	20	41	22	0.11(1:2:1)	0.95
南农 1138-2(P ₂) Nannong 1138-2(P ₂)	23			23		
8101(P ₁)	23			23		
F ₁	6	6				
F ₂	281	213		68	0.10(3:1)	0.76
F _{2:3}	88	23	46	19	0.55(1:2:1)	0.76
汾豆 56(P ₂) Fendou 56(P ₂)	32	32				
PI96983(P ₁)	24	24				
F ₁	8	8				
F ₂	337	258		79	0.44(3:1)	0.51
F _{2:3}	58	14	29	15	0.03(1:2:1)	0.98
86-4(P ₂)	18			18		

表现为显性。

2.1.2 对 SC4 株系抗性基因的等位性分析 表 2 显示 5 个抗×抗杂交组合各世代对 SC4 株系的抗性鉴定结果。大白麻×齐黄 1 号的 7 株 F₁ 全部表现抗病, 320 株 F₂ 中有 297 株表现抗病, 23 株表现感病, 卡方测验抗感比符合 15 : 1, 表明大白麻与齐黄 1 号携带的抗 SC4 基因是不等位的, 而且独立遗传。大白麻×汾豆 56、大白麻×科丰 1 号、冀 LD42×汾豆 56、晋大 74×中作 229 的 F₁ 都表现抗病, F₂ 抗感比符合 15 : 1, 表明大白麻与汾豆 56、科丰 1 号、冀 LD42 与汾豆 56, 晋大 74 与中作 229 携带抗 SC4 的基因是不等位的, 而且独立遗传。

2.2 大豆对 SMV 株系 SC8 的抗性遗传分析

2.2.1 抗性鉴定和遗传分析 表 3 显示, 齐黄 22×南农 1138-2 的 8 株 F₁ 均表现抗病, 151 株 F₂ 中有 114 株表现抗病, 37 株表现感病, 109 个 F_{2:3} 家系中有 27 个家系表现抗病, 24 个家系表现感病, 58 个家系出现抗感分离, 卡方测验表明, F₂ 分离抗感比 3 : 1, F_{2:3} 家系符合 1(抗) : 2(分离) : 1(感), 其反交南农 1138-2×齐黄 22 的 F₁ 也均表现抗病、F₂ 抗感比符合 3 : 1, F_{2:3} 符合 1(抗) : 2(分离) : 1(感) 的分离比例, 说明齐黄 22 对 SC8 株系的抗性是由 1 对显性基因控制, 且抗病是由核基因控制, 不受细胞质的影响; 此外, 科丰 1 号×南农 1138-2、PI96983×南农 1138-2、齐黄 1 号×南农 1138-2、大白麻×南农 1138-2、晋大 74×南农 1138-2、8101×汾豆 56、8101×中作 229、NY58×NY30 和 NY58×NY185 共 9 个抗×感杂交组合的 F₁

均表现抗病, F₂ 分离结果经卡方测验符合抗感比 3 : 1, F_{2:3} 家系符合 1(抗) : 2(分离) : 1(感) 的分离比例, 证实科丰 1 号、PI96983、齐黄 1 号、大白麻、晋大 74、汾豆 56、中作 229 和 NY58 均各有 1 对基因控制对 SC8 的抗性, 且抗病表现为显性。这个研究结果证实了王修强等^[24] 1 对显性基因控制对 SC8 株系抗性的报道。

2.2.2 对 SC8 株系抗性基因的等位性研究 从表 4 可知, 晋大 74×汾豆 56 的 8 株 F₁ 表现抗病, 在 112 株 F₂ 中未发现感病株, 55 个 F_{2:3} 家系中未发现抗感分离, 表明晋大 74 与汾豆 56 携带的对 SC8 的抗性基因是等位的或紧密连锁的。齐黄 1 号×科丰 1 号和大白麻×汾豆 56 的 F₁ 表现抗病, 卡方测验显示 F₂ 抗感比符合 15 : 1, F_{2:3} 家系中出现的抗感分离及感病家系进一步证实符合 2 对独立基因遗传方式, 表明齐黄 1 号与科丰 1 号、大白麻与汾豆 56 携带抗 SC8 株系的基因是不等位的, 而且独立遗传。

3 讨论

本研究发现, 晋大 74×南农 1138-2 和大白麻×南农 1138-2 组合的后代在接种 SMV 株系后出现顶端坏死植株。该植株早期不出现感病症状, 接种后 20 d (V3 期) 新生复叶开始逐渐萎缩、黄化, 最后生长点枯死。顶端坏死是坏死反应的一种表现形式, 为温度依赖性的过敏反应^[25]。大豆对大豆花叶病毒抗性遗传研究中坏死反应的抗感归属问题一直是研究者争论的焦点。Chen 等^[26] 在研究大豆花叶病毒病在大

表 2 抗抗杂交组合各世代对 SC4 株系的抗性反应
Table 2 Reaction of F₁, F₂ plants, and F_{2:3} lines derived from R×R to strain SC4

亲本或后代 Cross or parent	株数或家系数 Plants or lines					χ^2	P
	总株数 Total	抗 R	分离(15R:1S) Seg.(15R:1S)	分离(3R:1S) Seg.(3R:1S)	感 S		
大白麻(P ₁) Dabaima(P ₁)	24	24					
F ₁	7	7					
F ₂	320	297			23	0.48(15:1)	0.49
F _{2:3}	78	51	0	22	5	28.17(7:4:4:1)	0.00
齐黄 1 号(P ₂) Qihuang 1(P ₂)	26	26					
大白麻(P ₁) Dabaima(P ₁)	22	22					
F ₁	9	9					
F ₂	224	211			13	0.08(15:1)	0.78
F _{2:3}	90	57	5	22	6	21.54(7:4:4:1)	0.00
汾豆 56(P ₂) Fendou 56(P ₂)	18	18					
大白麻(P ₁) Dabaima(P ₁)	29	29					
F ₁	8	8					
F ₂	127	120			7	0.12(15:1)	0.73
F _{2:3}	71	49	0	18	4	28.15(7:4:4:1)	0.00
科丰 1 号(P ₂) Kefeng 1(P ₂)	27	27					
冀 LD42(P ₁) Ji LD42(P ₁)	24	24					
F ₁	9	9					
F ₂	213	201			12	0.14(15:1)	0.71
F _{2:3}	71	48	0	19	4	27.12(7:4:4:1)	0.00
汾豆 56(P ₂) Fendou 56(P ₂)	28	28					
晋大 74(P ₁) Jinda 74(P ₁)	34	34					
F ₁	7	7					
F ₂	141	131			10	0.17(15:1)	0.68
F _{2:3}	64	43	0	17	4	24.10(7:4:4:1)	0.00
中作 229(P ₂) Zhongzuo 229(P ₂)	29	29					

豆上的症状的遗传时发现: (1)在纯合情况下控制对特定病毒株系表现坏死反应的等位基因对控制相同株系表现抗性 or 感病的等位基因呈显性; (2)在纯合情况下对某一病毒株系表现抗病的等位基因, 当其处于杂合时表现坏死反应。

本研究中的顶端坏死植株与 Chen 等^[26]发现的第 2 种情况相符。接种 SC4 株系后, 大白麻×南农 1138-2 的 12 株 F₁ 中的 5 株、797 株 F₂ 抗病株中的 232 株和 50 个抗感分离的 F_{2:3} 家系中的 12 个家系产生顶端坏死, 用与大白麻抗性基因紧密连锁的分子标记分析发现具坏死反应的都是杂合基因型^[27], 但研究也发现并非所有 F₁ 以及杂合基因型的单株都表现顶端坏死, 这与 Gunduzm 等^[14]和 Ma 等^[28]研究的

结果一致, 然而与 Chen 等^[11]和 Li 等^[20]发现抗病与坏死的植株分离比例为 1:2 的结果不一致, 无论如何, 可以证明顶端坏死单株早期是表现抗病(无症状), 基因型是杂合的, 因此本研究在抗性遗传研究时也把坏死归为抗病。

抗性基因的等位性研究中发现, 携带不等位抗性基因的两个亲本杂交 F₂ 代经卡方测验抗感比符合 15:1, 然而 F_{2:3} 家系的分离比例却并不符合 7R:4(15R:1S):4(3R:1S):1S 的理论比率, 主要是全部感病家系比率明显偏多, 而 15R:1S 的家系偏低, 原因是本试验每个家系只有 25~35 株, 理论上表现感病的株数仅为 1~2 株, 这种小概率事件在总株数少时没有出现, 即便如此, F_{2:3} 出现的抗感分离家系

表 3 抗感杂交组合各世代对 SC8 的抗性反应
 Table 3 Reaction of F₁, F₂ plants, and F_{2:3} lines derived from R×S to SC8

亲本或后代 Cross or parent	株数或家系数 Plants or lines			χ^2	P
	总株数 Total	抗 R	分离 Seg. 感 S		
科丰 1 号(P ₁) Kefeng 1(P ₁)	20	20			
F ₁	9	9			
F ₂	156	112		42	0.85(3:1) 0.36
F _{2:3}	100	27	52	21	0.88(1:2:1) 0.64
F _{7:11}	184	89		95	0.20(1:1) 0.66
南农 1138-2(P ₂) Nannong 1138-2(P ₂)	23			23	
齐黄 22(P ₁) Qihuang 22(P ₁)	27	27			
F ₁	8	8			
F ₂	151	114		37	0.02(3:1) 0.89
F _{2:3}	109	27	58	24	0.61(1:2:1) 0.74
南农 1138-2(P ₂) Nannong 1138-2(P ₂)	22			22	
南农 1138-2(P ₁) Nannong 1138-2(P ₁)	26			26	
F ₁	6	6			
F ₂	150	108		42	0.72(3:1) 0.40
F _{2:3}	119	34	56	29	0.83(1:2:1) 0.66
齐黄 22(P ₂) Qihuang 22(P ₂)	31	31			
PI96983(P ₁)	29	29			
F ₁	8	8			
F ₂	227	175		52	0.53(3:1) 0.47
F _{2:3}	110	31	57	22	1.62(1:2:1) 0.45
南农 1138-2(P ₂) Nannong 1138-2(P ₂)	27			27	
NY58(P ₁)	25	25			
F ₁	15	15			
F ₂	147	114		33	0.51(3:1) 0.48
F _{2:3}	95	24	40	21	0.51(1:2:1) 0.78
NY30(P ₂)	28			28	
齐黄 1 号(P ₁) Qihuang 1(P ₁)	24	24			
F ₁	15	15			
F ₂	234	176		58	0.01(3:1) 0.94
F _{2:3}	70	19	34	17	0.17(1:2:1) 0.92
南农 1138-2(P ₂) Nannong 1138-2(P ₂)	26			26	
大白麻(P ₁) Dabaima(P ₁)	19	19			
F ₁	11	11			
F ₂	295	223		72	0.06(3:1) 0.81
F _{2:3}	59	15	31	13	0.29(1:2:1) 0.87
南农 1138-2(P ₂) Nannong 1138-2(P ₂)	31			31	
NY58(P ₁)	30	30			
F ₁	14	14			
F ₂	192	139		53	0.69(3:1) 0.40
F _{2:3}	67	15	34	18	0.28(1:2:1) 0.87
NY185(P ₂)	27			27	
8101(P ₁)	23			23	
F ₁	9	9			

(续表 3)

亲本或后代 Cross or parent	株数或家系数 Plants or lines				χ^2	P
	总株数 Total	抗 R	分离 Seg.	感 S		
F ₂	154	111		43	0.70(3:1)	0.40
F _{2:3}	71	16	37	18	0.24(1:2:1)	0.89
汾豆 56(P ₂) Fendou 56(P ₂)	25	25				
晋大 74(P ₁) Jinda 74(P ₁)	20	20				
F ₁	19	19				
F ₂	315	237		78	0.01(3:1)	0.92
F _{2:3}	117	29	60	28	0.09(1:2:1)	0.95
南农 1138-2(P ₂) Nannong 1138-2(P ₂)	32			32		
8101(P ₁)	28			28		
F ₁	12	12				
F ₂	322	245		77	0.20(3:1)	0.65
F _{2:3}	90	22	48	20	0.49(1:2:1)	0.78
中作 229(P ₂) Zhongzuo 229(P ₂)	27	27				

表 4 抗杂交组合各世代对 SC8 的抗性反应
Table 4 Reaction of F₁, F₂ plants, and F_{2:3} lines derived from R×R to SC8

亲本或后代 Cross or parent	株数或家系数 Plants or lines					χ^2	P
	总株数 Total	抗 R	分离(15:1) Seg.(15:1)	分离(3:1) Seg.(3:1)	感 S		
晋大 74(P ₁) Jinda 74(P ₁)	31	31					
F ₁	8	8					
F ₂	112	112					
F _{2:3}	55	55					
汾豆 56(P ₂) Fendou 56(P ₂)	22	22					
齐黄 1 号(P ₁) Qihuang 1(P ₁)	21	21					
F ₁	6	6					
F ₂	221	209			12	0.25(15:1)	0.61
F _{2:3}	92	57	4	25	6	22.85(7:4:4:1)	0.00
科丰 1 号(P ₂) Kefeng 1(P ₂)	25	25					
科丰 1 号(P ₁) Kefeng 1(P ₁)	23	23					
F ₁	14	14					
F ₂	157	148			9	0.07(15:1)	0.79
F _{2:3}	60	43	0	13	4	25.97(7:4:4:1)	0.00
汾豆 56(P ₂) Fendou 56(P ₂)	19	19					

和纯合感病家系也足以证明 F₂ 代的分离结果。

4 结论

抗性品种对 SC4 和 SC8 株系的抗性由单显性抗性基因控制, 大白麻与齐黄 1 号、汾豆 56、科丰 1 号, 冀 LD42 与汾豆 56, 晋大 74 与中作 229 携带抗 SC4 的基因是不等位的; 科丰 1 号与齐黄 1 号、汾豆 56 携带抗 SC8 的基因是不等位的, 晋大 74 与汾豆 56 携带抗 SC8 的基因是等位的。

References

- [1] Kiihl R A S, Hartwig E E. Inheritance of reaction to soybean mosaic virus in soybeans. *Crop Sci*, 1979, 19: 372-375
- [2] Lim S M. Resistance to soybean mosaic virus in soybeans. *Phytopathology*, 1985, 75: 199-201
- [3] Chen Y(陈怡), Luan X-Y(栾晓燕), Huang C-Y(黄承运), Gu X-Z(谷秀芝), Du W-G(杜维广), Zhang G-R(张桂茹), Man W-Q(满为群), Wang B-R(王彬如). Genetics of resistance to two strains of soybean mosaic virus in soybean. *Heilongjiang Agric Sci* (黑龙江农业科学), 1991, (5): 21-24 (in Chinese with English abstract)

- [4] Li H-C(李海朝), Zhi H-J(智海剑), Bai L(白丽), Yang H(杨华), Ma Y(马莹), Liu N(刘宁), Wang D-G(王大刚). Studies on inheritance and allelism of resistance genes to SMV strain SC-11 in soybean. *Soybean Sci* (大豆科学), 2006, 25(4): 365–368 (in Chinese with English abstract)
- [5] Guo D-Q(郭东全), Wang Y-W(王延伟), Zhi H-J(智海剑), Gai J-Y(盖钧镒), Li H-C(李海朝), Li K(李凯). Inheritance and gene mapping of resistance to SMV strain group SC-13 in soybean. *Soybean Sci* (大豆科学), 2007, 26(1): 21–24 (in Chinese with English abstract)
- [6] Bai L(白丽), Li H-C(李海朝), Ma Y(马莹), Wang D-G(王大刚), Liu N(刘宁), Zhi H-J(智海剑). Inheritance and gene mapping of resistance to soybean mosaic virus strain SC-11 in soybean. *Soybean Sci* (大豆科学), 2009, 28(1): 1–6 (in Chinese with English abstract)
- [7] Kwon S H, Oh J H. Resistance to a necrotic strain of soybean mosaic virus in soybean. *Crop Sci*, 1980, 20: 403–404
- [8] Buzzell R I, Tu J C. Inheritance of soybean resistance to soybean mosaic virus. *J Hered*, 1984, 75: 82
- [9] Chen Y. Inheritance of resistance to SMV strain No.1 in the soybean germplasm. *Heilongjiang Agric Sci* (黑龙江农业科学), 1999, (1): 4–6 (in Chinese with English abstract)
- [10] Zheng C M, Chang R Z, Qiu L J. Inheritance of resistance to SMV3 and identification of RAPD marker linked to the resistant gene in soybean. *Agric Sci China*, 2002, 1(3): 245–250
- [11] Chen P Y, Buss G R, Roane C W, Tolin S A. Allelism among genes for resistance to soybean mosaic virus in strain-differential soybean cultivars. *Crop Sci*, 1991, 31: 305–309
- [12] Chen P Y, Buss G R, Tolin S A. Resistance to soybean mosaic virus conferred by two independent dominant genes in PI 486355. *J Hered*, 1993, 84: 25–28
- [13] Buzzell R I, Tu J C. Inheritance of a soybean stem-tip necrosis reaction to soybean mosaic virus. *J Hered*, 1989, 80: 400–401
- [14] Gunduz I, Ma G, Buss G R, Chen P Y, Tolin S A. Genetic analysis of resistance to Soybean mosaic virus in OX670 and Harosoy soybean. *Crop Sci*, 2001, 41: 1785–1791
- [15] Buss G R, Ma G, Chen P Y, Tolin S A. Registration of V94-5152 soybean germplasm resistant to soybean mosaic potyvirus. *Crop Sci*, 1997, 37: 1987–1988
- [16] Gunduz I, Buss G R, Chen P Y, Tolin S A. Genetic and phenotypic analysis of Soybean mosaic virus resistance in PI 88788 soybean. *Phytopathology*, 2004, 94: 687–692
- [17] Zhang Z Y, Chen S Y, Gai J Y. Molecular markers linked to Rsa resistant to soybean mosaic virus. *Chin Sci Bull*, 1999, 44: 154–158
- [18] Wang Y-J(王永军), Dong-Fang Y(东方阳), Wang X-Q(王修强), Yang Y-L(杨雅麟), Yu D-Y(喻德跃), Gai J-Y(盖钧镒), Wu X-L(吴晓雷), He C-Y(贺超英), Zhang J-S(张劲松), Chen S-Y(陈受宜). Mapping of five genes resistant to SMV strains in soybean. *Acta Genet Sin* (遗传学报), 2004, 31(1): 87–90 (in Chinese with English abstract)
- [19] Fu S X, Zhan Y, Zhi H J, Gai J Y, Yu D Y. Mapping of SMV resistance gene *Rsc-7* by SSR markers in soybean. *Genetica*, 2006, 128: 63–69
- [20] Li H C, Zhi H J, Gai J Y, Guo D Q, Wang Y W, Li K, Bai L, Yang H. Inheritance and gene mapping of resistance to soybean mosaic virus strain SC14 in soybean. *J Integr Plant Biol*, 2006, 48: 1466–1472
- [21] Liao L(廖林), Liu Y-Z(刘玉芝), Sun D-M(孙大敏), Zhao R-L(赵荣林), Tian P-Z(田佩占). Inheritance of soybean resistant to soybean mosaic virus: I. Inheritance of several resistant varieties introduced resistant to No. II strain of SMV. *Acta Genet Sin* (遗传学报), 1994, 21(5): 403–408 (in Chinese with English abstract)
- [22] Zheng C-M(郑翠明), Chang R-Z(常汝镇), Qiu L-J(邱丽娟). Inheritance of resistance to SMV3 and identification of RAPD marker linked to the resistance gene in soybean. *Sci Agric Sin* (中国农业科学), 2001, 34(1): 1–4 (in Chinese with English abstract)
- [23] Wang X-Q(王修强), Gai J-Y(盖钧镒), Pu Z-Q(濮祖芹). Classification and distribution of strain groups of soybean mosaic virus in middle and lower Huang-Huai and Changjiang valleys. *Soybean Sci* (大豆科学), 2003, 22(2): 102–107 (in Chinese with English abstract)
- [24] Wang X-Q(王修强), Gai J-Y(盖钧镒), Yu D-Y(喻德跃). Inheritance of resistance to the SMV strain group SC-8 in Kefeng No.1. *Soybean Sci* (大豆科学), 2003, 8(3): 190–192 (in Chinese with English abstract)
- [25] Tu J C, Buzzell R I. Stem-tip necrosis: a hypersensitive, temperature dependent, dominant gene reaction of soybean to infection by soybean mosaic virus. *Can J Plant Sci*, 1987, 67: 661–665
- [26] Chen P Y, Buss G R, Roane C W, Tolin S A. Inheritance in soybean of resistant and necrotic reactions to soybean mosaic virus strains. *Crop Sci*, 1994, 34: 414–422
- [27] Wang D G, Ma Y, Liu N, Yang Z L, Zheng G J, Zhi H J. Fine mapping and identification of the soybean RSC4 resistance candidate gene to soybean mosaic virus. *Plant Breed*, 2011, doi: 10.1111/j.1439-0523.2011.01888.x
- [28] Ma G, Chen P Y, Buss G R, Tolin S A. Genetic characteristics of two genes for resistance to soybean mosaic virus in PI486355 soybean. *Theor Appl Genet*, 1995, 91: 907–914