

中国野生大豆对斜纹夜蛾的抗性鉴定及资源遴选

杨莹, 邢光南, 盖钧镒

(南京农业大学 大豆研究所/国家大豆改良中心/农业部大豆生物学与遗传育种重点实验室(综合)/作物遗传与种质创新国家重点实验室/江苏省现代作物生产协同创新中心, 江苏 南京 210095)

摘要: 试验在前期对栽培大豆进行抗性鉴定的基础上, 2014和2015年在养虫室饲养斜纹夜蛾初孵幼虫, 以饲养第6、9和12天幼虫重的隶属函数值为抗性指标评价了来自我国各大豆生态区的200份代表性野生大豆种质资源的抗虫性。两年第6天结果的联合方差分析表明: 材料间、年份间、材料与年份互作间差异均达极显著水平。2015年不同饲养期幼虫重的隶属函数值联合方差分析表明: 材料间、饲养期间差异均达极显著水平, 材料与饲养期间无明显互作。按标准品种分级法对供试材料进行分级, 发现野生大豆抗性性与地理来源有关, 长江中下游生态区(III)及西南-中南生态区(IV)的高抗材料较多, 而北方生态区(I)的高感材料较多。从供试的野生大豆资源中筛选出高抗和高感材料各10份, 高抗材料的抗性高于国际常用的栽培大豆抗源 PI227687 和 Lamar, 可用于后续的野生大豆抗虫鉴定、抗虫机理及抗虫育种等研究。

关键词: 斜纹夜蛾; 野生大豆; 隶属函数; 抗性鉴定

中图分类号: S565.1 文献标识码: A DOI: 10.11861/j.issn.1000-9841.2016.03.0448

Evaluation of Antibiosis to Common Cutworm (*Spodoptera litura*) and Screening for Resistance Sources Among Wild Soybeans (*Glycine soja*) in China

YANG Ying, XING Guang-nan, GAI Jun-yi

(Soybean Research Institute of Nanjing Agricultural University/National Center for Soybean Improvement/Key Laboratory for Biology and Genetic Improvement of Soybean(General), Ministry of Agriculture/National Key Laboratory for Crop Genetic and Germplasm Enhancement/Jiangsu Collaborative Innovation Center for Modern Crop Production, Nanjing 210095, China)

Abstract: Based on our previous studies on evaluation of antibiosis to common cutworm (*Spodoptera litura*) in cultivated soybeans (*Glycine max*), the antibiosis of wild soybean (*Glycine soja*) was also evaluated in 2014 and 2015. A representative sample composed of 200 wild accessions from the four eco-regions in China were tested in lab conditions with the newly hatched larva of *Spodoptera litura* reared in insectarium as tester and the membership index value of the 6th, 9th and 12th day's larva weight as indicator. The results of joint ANOVA of the 6th day's membership index value in 2014 and 2015 showed that there existed significant difference among/between accessions, years and accession × year interactions. The results of joint ANOVA of different feeding duration in 2015 showed that it existed significant difference among different feeding duration and accessions, while accession × feeding-duration interactions did not show significant difference. The accessions were grouped into highly resistant, resistant, medium resistant, susceptible and highly susceptible grades using a standard check grade system. A significant relationship was detected between eco-region and resistance grade, more resistant wild accessions existed in Middle and Lower Yangtse River Eco-region(III) and Southwest-Central South Eco-region(IV), while more susceptible wild accessions existed in North Eco-region(I). Ten highly resistant and ten highly susceptible wild soybean accessions were screened out as checks and resistance source materials for further study on the resistance mechanism and resistance breeding. The ten highly resistant wild soybean accessions performed higher resistance than the highly resistant cultivated soybean PI227687, Lamar and other resistance sources using the same resistance evaluation system.

Keywords: Common cutworm (*Spodoptera litura*); Wild soybean (*Glycine soja*); Membership function index; Evaluation of insect resistance

斜纹夜蛾(*Spodoptera litura*) 又称斜纹夜盗蛾、莲纹夜蛾, 是一种杂食性、暴食性害虫, 在我国各地区均有发生, 危害性极大。其寄主范围十分广泛, 共计 109 科 389 种植物受其危害^[1], 其中十字花科

的植物受害尤为严重。在我国华东曾数省连年爆发, 是该地区主要农作物害虫^[2]。崔章林等^[3]通过 4 年大豆田间食叶性害虫种群调查发现斜纹夜蛾为南京地区大豆上最主要的害虫之一, 1994 年斜纹夜

收稿日期: 2016-03-09

基金项目: 国家重点基础研究发展计划“973 计划”(2011CB1093); 国家自然科学基金(31571694); 农业部公益性行业专项(201203026-4); 教育部 111 项目(B08025); 教育部长江学者和创新团队(PCSR13073); 中央高校基本科研业务费项目(KYZ201202-8, KYZ201504); 国家现代农业产业技术体系(CARS-04); 江苏省优势学科建设工程专项; 江苏省 JCIC-MCP 项目。

第一作者简介: 杨莹(1991-), 女, 硕士, 主要从事大豆抗虫育种研究。E-mail: 2013101157@njau.edu.cn。

通讯作者: 盖钧镒(1936-), 男, 教授, 主要从事大豆种质资源与遗传育种研究。E-mail: sri@njau.edu.cn;

邢光南(1980-), 男, 博士, 副教授, 主要从事大豆抗虫育种研究。E-mail: xinggn@njau.edu.cn。

蛾占南京地区大豆食叶性害虫总量的 54.8%。由于近年来我国农作物布局的转变、农业复种指数的提高、以及设施农业的大力发展,为斜纹夜蛾的爆发提供了更有利的环境,90 年代以来斜纹夜蛾几乎年年大发生^[4]。如果不加以控制,将导致大豆产量降低 50%~100%^[5]。目前控制斜纹夜蛾的手段主要为喷施化学农药,而随着农药的长期使用,斜纹夜蛾已经产生了抗药性^[6]。因此培育环境友好的抗虫品种成为目前害虫防治的重要策略。

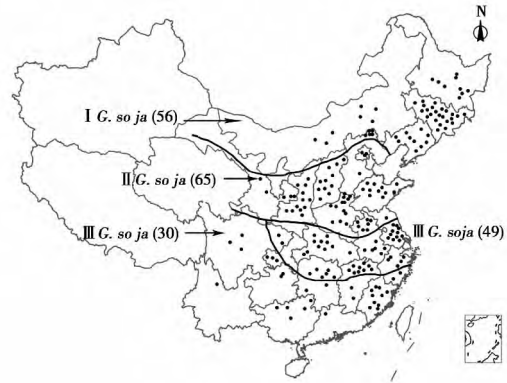
目前国际上主要有田间自然虫源鉴定、网室人工接虫鉴定和实验室生物测定 3 种对食叶性害虫的抗虫性鉴定方法。田间自然虫源鉴定及网室人工接虫鉴定以叶面积损失率^[7-9]、茎枝黑霉程度与叶片紫斑数^[10]、每株幼虫数^[11]等为抗性指标;实验室生物测定一般以幼虫重、蛹重、发育历期等为抗性鉴定指标^[12-15]。利用田间自然虫源鉴定植物抗虫性,受限于田间自然虫源以及环境的影响,在虫源不足以及极端恶劣的天气情况下,无法进行抗虫鉴定。实验室生物测定因有可控、易重复等优点成为抗虫鉴定的首选方法。国家大豆改良中心针对斜纹夜蛾已进行了栽培大豆资源的筛选和评价工作,发现网室人工均匀接虫和室内喂养斜纹夜蛾幼虫品种间抗虫性都有极显著差异,经多年试验筛选出黄皮小青豆、日本、矮杆黄、PI227687 等高抗种质资源^[9,15]。同时对 526 份栽培大豆和 2 个栽培大豆重组自交系群体进行了抗生性鉴定,并用于抗虫基因的挖掘^[16-17],但品种抗生性鉴定结果的稳定性较差。一年生野生大豆(*Glycine soja* Sieb. et Zucc.) 由于生存在野外,能较好地适应恶劣的自然环境,因此通常具有良好的抗病虫性及耐逆性。近年来育种家已发现了一系列抗病虫野生大豆种质资源,如高抗蚜虫^[18]、疫霉根腐病^[19]的大豆种质。因此在野生大豆中筛选抗斜纹夜蛾材料具有潜力。鉴于目前尚没有关于一年生野生大豆对斜纹夜蛾抗性的系统鉴定、评价的报导,本研究旨在改进以往的抗生性鉴定方法基础上对来自全国各生态区的野生大豆^[20-21]进行抗性资源筛选、挖掘新的抗性材料、探讨抗斜纹夜蛾野生大豆资源的分布特点,为以后的抗虫育种奠定材料和方法基础。

1 材料与方法

1.1 材料

供试的 200 份野生大豆材料由国家大豆改良中心提供,根据代表性和均衡性的原则选取来源于全国 24 个省、市、自治区(N52°30'~N24°30')的野生大豆材料^[20](图 1)。参考盖钧镒等^[21]的生态区

划,西南和中南生态区材料数较少,合并为西南-中南生态区,200 份野生大豆材料中 56 份属于北方生态区(I),65 份属于黄淮海生态区(II),49 份属于长江中下游生态区(III),30 份属于西南-中南生态区(IV)。试验用斜纹夜蛾由南京农业大学植物保护学院昆虫系提供初始虫源,经人工饲养、扩繁获得大量初孵幼虫作为供试虫源。为与野生大豆作比较,本文使用同样方法同时对两份国际上公认的抗虫品种 PI227687 和 Lamar^[7,22]进行抗生性鉴定。



I: 北方生态区; II: 黄淮海生态区; III: 长江中下游生态区; IV: 西南-中南生态区。

I: North Eco-region; II: Huanghuaihai Eco-region; III: Middle and Lower Yangtze River Eco-region; IV: Southwest-Central South Eco-region.

图 1 参试野生大豆材料地理来源示意图

Fig 1 The geographic sources of the tested wild soybean accessions

1.2 叶片来源

供试叶片来自南京农业大学江浦试验站的田间试验。2014 年 6 月夏播,供试 200 份野生大豆材料单行种植,行长 2 m,行距 1 m,每份材料单独人工搭架防止不同材料间相互缠绕,实验区周围各设置两行保护行,大豆生长期间不喷洒任何杀虫剂。当大多数材料处于 R1 期,采集新鲜叶片供抗生性鉴定。2015 年 7 月夏播,试验设计同 2014 年。

1.3 斜纹夜蛾的人工繁殖

斜纹夜蛾的人工饲养参照涂业苟等^[23]的方法。斜纹夜蛾饲养于标准养虫室中,养虫室面积约为 5 m²左右,室内温度控制在(26±1)℃,相对湿度 60%~70%,光暗比为 14:10,养虫室每个世代消毒一次。

1.4 抗生性鉴定

抗生性鉴定所用叶片为倒三叶,叶片采摘后装入自封袋,放入冰盒中,以保证叶片新鲜。使用直径 9 cm 的一次性塑料培养皿,在其底部铺一层定性

滤纸,将滤纸润湿以保证叶片新鲜。将新鲜叶片铺于滤纸上,每个培养皿接5头初孵幼虫。2014年为预试验,供试材料为200份野生大豆,随机区组设计4次重复,每天做1个重复作为区组,于第6天称量幼虫重。2015年,随机区组设计6次重复,分别于第6、9和12天称量幼虫重,称量的同时更换新鲜叶片。使用万分之一分析天平(SHIMADZU AU120)进行称量。

1.5 数据分析

因不同年份、不同喂养期的幼虫重差异较大,为便于比较,将两年不同喂养期的数据转换成相对于固定对照虫组的隶属函数值,数据的统计分析均采用SAS V9.1.3软件。材料幼虫重隶属函数值的计算,先计算每个重复的隶属函数值,再求每份材料幼虫重的平均隶属函数值,计算公式如下:

$$F_{ij} = \frac{X_{ij} - X_{jr}}{X_{js} - X_{jr}}; F_i = \frac{1}{n} \sum F_{ij}$$

X 为幼虫重; X_{ij} 为第*i*份材料第*j*次重复的幼虫重; X_{js} 和 X_{jr} 分别为5份感虫对照和5份抗虫对照在第*j*次重复的平均幼虫重;综合两年幼虫重,以两年表现稳定的抗虫材料N23369、T960097-1、中山陵-4、F-013、J-024和感虫材料N23264、N23433、N23440、N23444、N23457各5份作为对照材料。 F_{ij} 为第*i*个材料第*j*个重复的隶属函数值。 F_i 为第*i*个材料平均的隶属函数值,即按材料将各个重复的隶属值进

行平均。隶属函数值的取值范围可以大于1和小于0,大于1说明材料的感虫性高于所选用的感虫对照,小于0说明材料的抗虫性高于抗虫对照。基于每份材料的隶属函数值,采用盖钧镒等^[8]提出的标准品种分级法,以上述抗、感材料各5份作为标准对照,根据4次测量的平均隶属函数值将供试材料分为5级。

2 结果与分析

2.1 野生大豆材料间对斜纹夜蛾的抗性差异

2.1.1 野生大豆材料对斜纹夜蛾抗性的描述统计

2014和2015两年不同喂养期的抗性表现见表1。每个喂养期幼虫重的变幅都很大,2014年喂养第6天幼虫重的变幅为0.5~11.1 mg、平均为3.7 mg,2015年喂养第6、9和12天幼虫重的变幅分别为0.7~20.7、5.1~122.5和15.1~429.9 mg,平均分别为7.0、47.7和159.6 mg(表1)。可见不同年份及同一年份不同喂养期平均幼虫重差异巨大,而转换成隶属函数值后,不同喂养期平均数接近,每个喂养期变幅仍很大。通过方差分析发现不同喂养期野生材料间差异均达到极显著水平,且都具有较高的遗传率74.2%~89.9%及较高的遗传变异系数55.8%~67.9%(表1)。

表1 我国野生大豆抗生性的频数分布和描述统计

Table 1 The frequency distribution and descriptive statistics of antibiosis in Chinese wild soybeans

喂养期 Feeding duration	隶属函数值(F_i)										幼虫重 Larva weight/mg							
	组中值 Class mid-point										平均数 Mean	变幅 Range	F	遗传率 $h^2/\%$	变异系数 GCV/%	平均数 Mean	变幅 Range	
14-6	0	10	46	48	34	36	17	3	1	1	196	0.4	-0.7~1.7	3.9**	74.2	55.8	3.7	0.5~11.1
15-6	0	10	32	48	45	23	19	13	4	4	198	0.5	-0.1~1.9	9.9**	89.9	67.9	7.0	0.7~20.7
15-9	0	9	28	48	39	39	17	10	3	5	198	0.5	-0.1~1.6	9.7**	89.6	60.9	47.7	5.1~122.5
15-12	0	12	24	38	38	32	22	10	7	3	186	0.5	-0.2~1.7	7.2**	86.1	57.5	159.6	15.1~429.9

“喂养期”栏中“-”前为年份,后为喂养天数,如14-6表示2014年喂养第6天。**代表0.01的显著水平。GCV为遗传变异系数。

In ‘Feeding duration’ column, before ‘-’ is the year and after that is the reared days, such as 14-6 represents sixth day in 2014. ** represents significance at 0.01 probability level. GCV: Genotypic co-efficient of variation.

2.1.2 不同喂养年份间野生大豆材料对斜纹夜蛾的抗性表现 对两年喂养第6天幼虫重的隶属函数值进行联合方差分析(表2),结果表明材料间、年份间及材料与年份交互间的差异均达到极显著水平。不同年份间差异极显著,可能是由于不同年份间环境因素的差异较大,2015年田间降雨量较2014年大35.97 mm(2015年7月1日至9月1日总降雨量为363.89 mm,2014年同期降雨量为327.92 mm,

<http://www.wunderground.com/>);2015年的总积温值高于2014年(2015年7月1日至9月1日总积温值为1804.3℃,2014年同期的总积温值为1695.0℃,<http://nyqx.xn121.com/>)。

2.1.3 不同喂养期野生大豆材料对斜纹夜蛾抗性的表现 2015年喂养第6、9和12天的幼虫重隶属函数值联合方差分析结果表明,野生大豆材料间和不同喂养期间差异达极显著水平,而野生大豆材料

与饲养期间的交互差异不显著,说明在幼虫生长不同阶段其抗性反应趋势一致(表3)。

表2 2014和2015年第6天幼虫重隶属函数值的联合方差分析

Table 2 The joint ANOVA of the sixth day's membership index values of larva weight in 2014 and 2015

变异来源 Source of variation	自由度 DF	平方和 SS	样本均方 MS	F 值 F	Pr(> F)
材料 Accession	199	114.03	0.57	7.76	<0.0001
年份 Year	1	3.02	3.02	40.89	<0.0001
区组(年份) Block (Year)	8	5.84	0.73	9.88	<0.0001
材料 × 年份 Accession × Year	193	60.05	0.31	4.21	<0.0001
误差 Error	1358	100.32	0.07		
总变异 Total variation	1759	309.81			

表3 2015年不同饲养期幼虫重隶属函数值的联合方差分析

Table 3 The joint ANOVA of different feeding duration's membership index values of larva weights in 2015

变异来源 Source of variation	自由度 DF	平方和 SS	样本均方 MS	F 值 F	Pr(> F)
材料 Accession	197	356.49	1.81	23.48	<0.0001
饲养期 Feeding duration	2	0.79	0.39	5.12	0.0061
区组(饲养期) Block (Feeding duration)	15	6.90	0.46	5.97	<0.0001
材料 × 饲养期 Accession × Feeding duration	382	30.46	0.08	1.03	0.3241
误差 Error	2478	191.00	0.08		
总变异 Total variation	3074	597.67			

2.2 不同生态区野生大豆材料对斜纹夜蛾的抗性差异

2.2.1 野生大豆材料对斜纹夜蛾抗性的分级 将两年4次测量的平均隶属函数值根据标准材料分级

法^[9]确定组中值和组限(表4)并用于野生大豆材料的抗性分级,高抗、抗、中抗、感和高感材料份数分别为25、48、63、40和24(表5)。

表4 我国野生大豆对斜纹夜蛾抗生性的分级

Table 4 Grouping of antibiosis to *S. litura* of the Chinese wild soybean accessions

抗性等级 Resistance grade	隶属函数值的组中值 Mid-point of membership index value		隶属函数值的组限 Class limit of membership index value	
高抗 Highly resistance	a	0.00	< a + d	<0.12
抗 Resistant	a + 2 d	0.25	a + d ~ a + 3 d	0.12 ~ 0.37
中间 Medial	a + 4 d	0.50	a + 3 d ~ a + 5 d	0.37 ~ 0.62
感 Susceptible	a + 6 d	0.74	a + 5 d ~ a + 7 d	0.62 ~ 0.87
高感 Highly susceptible	b	0.99	> a + 7d	>0.87

a和b分别为5份高抗标准材料和5份高感标准材料的平均值; d = (b - a) / 8。

a and b respectively stand for the mean of 5 resistant and 5 susceptible standard accessions; d = (b - a) / 8.

2.2.2 不同生态区野生大豆材料对斜纹夜蛾抗性的频数分布 将野生大豆材料的抗性分级与材料来源生态区进行独立性检验(表5), χ^2 值为87.4, P值小于0.0001,说明野生大豆材料抗性等级与生态区来源呈极显著相关。生态区III、IV有较多的高抗、抗材料。与之相反,生态区I有较多的高感、感材料。随着生态区纬度的增大,野生大豆材料抗性等级有降低的趋势。斜纹夜蛾主要分布在长江以南区域,随着长期的协同进化,在长江以南区域野生大豆进化出了较多抗性基因,而在斜纹夜蛾不是主要食叶性害虫的大豆生态区I,野生大豆演化出

的优异抗性基因较少。

2.3 优异野生大豆材料的遴选

两年表现一致的高抗材料除了5份抗虫对照N23369、T960097-1、中山陵-4、F-013和J-024外,还有N23342、N23349、TY100-1、N23312和ZYD4349,遴选出的材料不同年份、不同饲养期均表现为高度抗虫(表6)。两年表现一致的高感材料除了5份感虫对照N23264、N23433、N23440、N23444和N23457外,还有N23352、N23417、N23424、N23434和N23185,遴选出的材料不同年份、不同饲养期大部分表现为高度感虫(表6)。比较抗感材料

的幼虫重平均数,两年4次测量的感虫材料幼虫重分别为抗虫材料幼虫重的5.7、7.5、8.5和6.4倍,说明野生大豆材料间抗虫性差异巨大。

遴选出的高抗野生大豆材料的抗性高于国际

上常用的栽培大豆抗源 PI227687 和 Lamar,二者幼虫重均高于相应天数喂养的抗虫野生大豆的平均幼虫重(表6)。

表5 不同生态区野生大豆材料对斜纹夜蛾抗性的分布

Table 5 Frequency distribution of resistance to *S. litura* of wild soybean from different eco-regions in China

生态区 Eco-region	抗性等级 Resistance grade					总和 Sum.
	HR	R	M	S	HS	
I	0(0.0)	3(5.4)	17(30.4)	22(39.3)	14(25.0)	56
II	3(4.6)	15(23.1)	26(40.0)	15(23.1)	6(9.2)	65
III	10(20.4)	16(32.7)	18(36.7)	2(4.1)	3(6.1)	49
IV	12(40.0)	14(46.7)	2(6.7)	1(3.3)	1(3.3)	30
总和 Sum.	25(12.5)	48(24.0)	63(31.5)	40(20.0)	24(12.0)	200

括号内数值为相应等级的行百分比(%)。HR:高抗;R:抗;M:中抗;S:感;HS:高感。下同。

Values in parentheses are the percentage of the corresponding row. HR: Highly resistant; R: Resistant; M: Mediate; S: Susceptible; HS: Highly susceptible. The same below.

表6 野生大豆对斜纹夜蛾抗生性的资源遴选

Table 6 Screening for the wild soybean resources with antibiosis to *S. litura*

	材料 Accession	来源 Source	生态区 Eco-region	隶属函数值 Membership index value				幼虫重 Larva weight/mg				抗性等级 Resistance grade
				14-6	15-6	15-9	15-12	14-6	15-6	15-9	15-12	
抗性品种	N23369	广西	IV	0.01	0.04	0.06	0.07	1.06	2.12	14.65	57.23	HR
标准对照	T960097-1	江苏	III	0.01	0.01	-0.04	-0.03	0.98	1.72	5.40	29.53	HR
Resistant	中山陵-4	江苏	III	-0.05	-0.06	-0.03	-0.03	0.50	1.06	5.60	29.21	HR
standard	F-013	湖南	III	-0.03	0.05	0.03	0.05	0.83	2.40	12.63	53.63	HR
checks	J-024	江西	III	0.03	-0.03	0.00	-0.06	1.21	1.46	9.29	31.75	HR
	N23342	福建	IV	-0.04	-0.09	-0.03	0.00	0.90	0.73	5.90	0.00	HR
	N23349	福建	IV	0.09	-0.07	0.01	-0.03	1.65	1.32	12.51	54.84	HR
	TY100-1	安徽	III	0.05	0.03	0.06	0.01	1.35	2.07	13.85	42.75	HR
	N23312	湖南	III	0.10	0.09	0.03	0.01	1.68	2.71	12.44	43.42	HR
	ZYD4349	四川	IV	0.12	-0.01	0.00	-0.06	1.85	1.27	7.82	36.57	HR
	平均 Average			0.03	0.00	0.01	-0.01	1.20	1.69	10.01	42.10	
感性品种	N23264	湖北	III	0.58	1.04	1.17	1.12	5.18	11.06	97.69	288.74	HS
标准对照	N23433	吉林	I	1.26	1.11	0.94	1.12	9.70	14.25	78.95	277.43	HS
Susceptible	N23440	吉林	I	1.12	0.84	0.96	0.97	8.65	10.59	82.19	261.50	HS
standard	N23444	吉林	I	0.76	1.05	0.99	0.99	6.19	13.35	83.70	245.90	HS
checks	N23457	吉林	I	1.11	0.96	0.94	0.80	8.93	11.71	78.31	212.76	HS
	N23352	云南	IV	0.66	0.90	0.94	1.30	5.54	10.79	78.32	301.73	HS
	N23417	吉林	I	0.52	1.43	1.20	1.00	4.73	17.81	10.39	273.20	HS
	N23424	吉林	I	0.88	0.95	0.82	0.82	6.80	11.88	72.50	231.96	HS
	N23434	吉林	I	1.01	0.81	0.78	1.31	8.70	10.29	65.59	303.46	HS
	N23185	甘肃	II	0.55	1.28	1.42	1.15	4.54	15.62	113.10	284.60	HS
	平均 Average			0.84	1.04	1.02	1.06	6.90	12.74	85.42	268.13	
	PI227687	日本						3.39	3.75	42.96	166.57	
	Lamar	美国						4.15	5.66	37.00	173.34	

“隶属函数值”和“幼虫重”栏中,“-”前为年份后为喂养天数,如14-6表示2014年喂养第6天。日本和美国的两个品种为国际上常用的抗虫栽培大豆对照品种,参加了平行的鉴定试验,其结果列在此处供比较时参考。

In ‘Membership index value’ and ‘Larva weight’ column, the numbers before ‘-’ is the year while after that is the reared days, such as 14-6 stands for sixth day reared in 2014. Parallel-tested results of two Japanese and American international commonly used insect resistant soybean cultivars are listed for reference.

3 结论与讨论

3.1 野生大豆材料对斜纹夜蛾的抗性表现

不同的大豆材料对斜纹夜蛾生长发育有着不同的影响。感虫材料喂养斜纹夜蛾,幼虫体重较重,发育较快;反之幼虫体重较轻,发育缓慢。这种差异为优异种质资源的筛选提供了依据。本研究利用这种差异进行了不同野生大豆材料对斜纹夜蛾的抗生性鉴定,发现不同材料及年份间野生大豆对斜纹夜蛾抗性差异显著;材料与喂养期间无明显互作,说明幼虫生长的不同阶段其抗性反应趋势一致。本研究同时发现野生大豆比栽培大豆对斜纹夜蛾的抗生性更强。

3.2 关于对斜纹夜蛾抗生性鉴定的方法

分子标记技术飞速发展,加速了抗虫育种进程,并且对抗虫鉴定方法的通量及准确性要求更高。Rector 等^[24]利用大豆 F₂ 群体的 103 个家系对大豆抗玉米穗螟进行 QTL 分析,发现了 10 个抗生性 QTL。自此之后又有多位研究者进行了不同害虫的大豆抗虫 QTL 定位^[25-26]。近几年发展的关联分析,通过对大量材料进行抗虫性鉴定,使在多个遗传背景下鉴定大豆抗虫 QTL 成为可能^[17,27]。目前,无论连锁定位还是关联分析都需要大群体及相应的大规模抗虫性鉴定,因此必须研究高通量的抗虫性鉴定方法。

为实现高通量的抗虫鉴定,本研究以初孵幼虫为起始虫态来进行鉴定,比以二龄幼虫为初始虫态更易控制供试幼虫的一致性,从而获得更可靠、稳定的结果^[16-17]。本研究表明不同幼虫喂养期的抗性反应较为一致,因此,从初孵幼虫起经过较短时间的喂养就可快速得到抗生性鉴定结果,工作量相对减少,速度相对较快。本研究在试验过程中每天检查叶片,在发现叶片量不足或变质时及时更换该材料叶片,有效降低了更换叶片不及时带来的误差。本研究还发现在幼虫较小时,称量仪器引入的误差较大,可考虑适当延长喂养天数,例如 7 d 或者 10 d。此外,试验中应尽量控制参与试验的人数,减少人为差异。本方法再加改进有可能成为一种高通量的斜纹夜蛾抗生性鉴定方法。

3.3 关于对斜纹夜蛾抗性育种的启示

本研究发现生态区 III、IV 有较多的高抗材料,生态区 I 有较多的高感材料。说明随着长期的协同

进化,斜纹夜蛾发生较多的 III、VI 生态区,进化出了较多的野生大豆抗性材料。本研究通过标准品种分级法所鉴定出的优良抗生性野生材料比国际通用的两份抗虫性材料 PI227687 和 Lamar^[7,22] 以及本组筛选的其它栽培大豆抗性材料的抗生性更强,野生大豆抗源比栽培大豆抗源可能具有更为优异或更多的抗虫基因。因而本研究所获的野生抗源可用于后续的 QTL 定位研究及抗斜纹夜蛾的育种工作。

参考文献

- [1] 秦厚国,汪笃栋,丁建,等. 斜纹夜蛾寄主植物名录[J]. 江西农业学报,2006,18(5): 51-58. (Qin H G, Wang D D, Ding J, et al. Host plants of *Spodoptera litura* [J]. Acta Agriculturae Jiangxi, 2006, 18(5): 51-58.)
- [2] 祝树德,陆自强,陈丽芳,等. 温度和食料对斜纹夜蛾种群的影响[J]. 应用生态学报,2000,11(1): 111-114. (Zhu S D, Lu Z Q, Chen L F, et al. Effect of temperature and food on *Spodoptera litura* population [J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2000, 11(1): 111-114.)
- [3] 崔章林,盖钧镒,吉东风,等. 南京地区大豆食叶性害虫种类调查与分析[J]. 大豆科学,1997,16(1): 13-21. (Cui Z L, Gai J Y, Ji D F, et al. A study on leaf-feeding insect species on soybeans in Nanjing area [J]. Soybean Science, 1997, 16(1): 13-21.)
- [4] 高春先,贝亚维,陈庭华,等. 斜纹夜蛾成灾因子分析[J]. 浙江农业学报,2004,16(5): 332-335. (Gao C X, Bei Y W, Chen T H, et al. On factors causing outbreak of *Spodoptera litura* (Fabricius) [J]. Acta Agriculturae Zhejiangensis, 2004, 16(5): 332-335.)
- [5] Cardona E V, Ligat C S, Subang M P. Life history of common cutworm, *Spodoptera Litura* Fabricius (Noctuidae: Lepidoptera) in Benguet [J]. BSU Research Journal, 2007, 56: 73-84.
- [6] 潘飞,秦双,严春雨,等. 斜纹夜蛾对 15 种杀虫剂的抗药性监测[J]. 江西农业大学学报,2014,36(5): 1042-1047. (Pan F, Qin S, Yan C Y, et al. Monitoring on resistance of *Spodoptera litura* (Fabricius) to fifteen kinds of pesticides in Hainan region [J]. Acta Agriculturae Universitatis Jianxiensis, 2014, 36(5): 1042-1047.)
- [7] van Duyn J W, Turnipseed S G, Maxwell J D. Resistance in soybeans to the Mexican bean beetle I: Source of resistance [J]. Crop Science, 1971, 11: 572-573.
- [8] 盖钧镒,崔章林. 大豆抗食叶性害虫育种的鉴定方法与标准[J]. 作物学报,1997,23(4): 400-407. (Gai J Y, Cui Z L. A study on methods and criteria of identification of resistance to leaf-feeding insects in soybean breeding [J]. Acta Agronomica Sinica, 1997, 23(4): 400-407.)

- [9] 詹秋文,盖钧镒. 大豆种质资源对斜纹夜蛾(*Prodenia litura*)抗性的鉴定[J]. 应用与环境生物学报,2000,6(1): 18-23. (Zhan Q W, Gai J Y. Evaluation of resistance of soybean germplasm to cotton worm (*Prodenia litura*) [J]. Chinese Journal of Applied and Environmental Biology, 2000, 6(1): 18-23.)
- [10] 邢光南,赵团结,盖钧镒. 大豆资源的筛豆龟蜡 [*Megacopta cribraria* (Fabricius)]抗性鉴定[J]. 作物学报,2006,32(4): 491-496. (Xing G N, Zhao T J, Gai J Y. Evaluation of soybean germplasm in resistance to Globular Stink Bug [*Megacopta cribraria* (Fabricius)] [J]. Acta Agronomica Sinica, 2006, 32(4): 491-496.)
- [11] Oki N, Komatsu K, Takahashi M, et al. Field assessment of resistance QTL to common cutworm in soybean [J]. Crop Science, 2015, 55: 624-630.
- [12] Komatsu K, Okuda S, Takahashi M, et al. Antibiotic effect of insect-resistant soybean on common cutworm (*Spodoptera litura*) and its inheritance [J]. Breeding Science, 2004, 54: 27-32.
- [13] Oki N, Komatsu K, Sayama T, et al. Genetic analysis of antixenosis resistance to the common cutworm (*Spodoptera litura* Fabricius) and its relationship with pubescence characteristics in soybean (*Glycine max* (L.) Merr.) [J]. Breeding Science, 2012, 61: 608-617.
- [14] Souza B H S, Silva A G, Janini J C, et al. Antibiosis in soybean genotypes and the resistance levels to *Spodoptera eridania* (Cramer) (Lepidoptera: Noctuidae) [J]. Neotrop Entomol, 2014, 43: 582-587.
- [15] 吴巧娟,吴娟娟,吴业春,等. 大豆资源对斜纹夜蛾的抗性鉴定[J]. 大豆科学,2006,25(4): 410-413,409. (Wu Q J, Wu J J, Wu Y C, et al. Evaluation of resistance of soybean germplasm to cotton worm (*Spodoptera litura* Fabricius) [J]. Soybean Science, 2006, 25(4): 410-413, 409.)
- [16] Kim H, Xing G N, Wang Y F, et al. Constitution of resistance to common cutworm in terms of antibiosis and antixenosis in soybean RIL populations [J]. Euphytica, 2014, 196: 137-154.
- [17] Kim H, Xing G N, He J B, et al. An environmental differential association analysis of antibiosis to common cutworm in a Chinese soybean germplasm population and optimization of the cross design [J]. Molecular Breeding, 2015, 35: 76.
- [18] 杨振宇,本多健一郎,王曙明,等. 中国东北抗蚜野生大豆重复鉴定的研究[J]. 吉林农业科学,2004,29(5): 3-6. (Yang Z Y, Kanichilo H, Wang S M, et al. The repetitive identification on aphid-resistant wild soybean in northeast of China [J]. Journal of Jilin Agricultural Sciences, 2004, 29(5): 3-6.)
- [19] 靳立梅,徐鹏飞,吴俊江,等. 野生大豆种质资源对大豆疫霉根腐病抗性评价[J]. 大豆科学,2007,26(3): 300-304. (Jin L M, Xu P F, Wu J J, et al. Identification the resistance of wild soybean germplasm to *Phytophthora Sojae* [J]. Soybean Science, 2007, 26(3): 300-304.)
- [20] 文自翔,赵团结,丁艳来,等. 中国栽培及野生大豆的遗传多样性、地理分化和演化关系研究[J]. 科学通报,2009,54(21): 3301-3310. (Wen Z X, Zhao T J, Ding Y L, et al. Genetic diversity, geographic differentiation and evolutionary relationship among ecotypes of *Glycine max* and *G. soja* in China [J]. Chinese Science Bulletin, 2009, 54(21): 3301-3310.)
- [21] 盖钧镒,汪越胜. 中国大豆品种生态区域划分的研究[J]. 中国农业科学,2001,34(2): 139-145. (Gai J Y, Wang Y S. A study on the varietal eco-regions of soybeans in China [J]. Scientia Agricultura Sinica, 2001, 34(2): 139-145.)
- [22] Hartwig E E, Lambert L, Kilen T C. Registration of 'Lamar' soybean [J]. Crop Science, 1990, 30: 231.
- [23] 涂业苟,曾吉华. 斜纹夜蛾的人工饲养技术[J]. 江西农业学报,2010,22(1): 87-88. (Tu Y G, Zeng J H. A method for artificial rearing of common cutworm (*Spodoptera litura*) [J]. Acta Agriculturae Jiangxi, 2010, 22(1): 87-88.)
- [24] Rector B G, All J N, Parrott W A, et al. Identification of molecular markers linked to quantitative trait loci for soybean resistance to corn earworm [J]. Theoretical and Applied Genetics, 1998, 96: 786-790.
- [25] Komatsu K, Takahashi M, Nakazawa Y. Antibiosis resistance of QTL introgressive soybean lines to common cutworm (*Spodoptera litura* Fabricius) [J]. Crop Science, 2008, 48: 527-532.
- [26] 邢光南,周斌,赵团结,等. 大豆抗筛豆龟蜡 *Megacopta cribraria* (Fabricius) 的 QTL 分析[J]. 作物学报,2008,34(3): 361-368. (Xing G N, Zhou B, Zhao T J, et al. Mapping QTLs of resistance to *Megacopta cribraria* (Fabricius) in soybean [J]. Acta Agronomica Sinica, 2008, 34(3): 361-368.)
- [27] 王慧,高中杰,张丹,等. 应用关联分析鉴定大豆对斜纹夜蛾的抗性基因[J]. 植物学报,2011,46(5): 514-524. (Wang H, Gao Z J, Zhang D, et al. Identification of genes with soybean resistance to common cutworm by association analysis [J]. Chinese Bulletin of Botany, 2011, 46(5): 514-524.)