

## 科研报告

# 大豆抗性种质对 SMV 3号株系种粒斑驳的抗性遗传<sup>\*</sup>

栾晓燕 陈 怡 杜维广  
张桂茹 满为群 谷秀芝

(黑龙江省农科院大豆所)

**摘要** 通过五个(感×抗)杂交组合的  $F_1$   $F_2$ 和回交  $BC_1$ 群体对东北大豆花叶病毒 3号株系的种粒斑驳抗性的分析,明确了五个抗源的遗传特点及其应用价值。哈 91R<sub>1</sub>-182 哈 91R<sub>3</sub>-184 哈 91R<sub>3</sub>-188 哈 91R<sub>3</sub>-301 哈 91R<sub>3</sub>-310种粒斑驳抗性都是由二对互补显性基因控制的, $F_2$ 代抗感分离比例为 9:7,与其各自的成株抗性有相同也有不同的遗传规律,受不同基因控制。是东北地区大豆抗 SMV 育种的理想的双抗型抗源。

**关键词** 大豆 病毒 抗性

**中图分类号** S565.1

大豆种粒斑驳(褐斑粒)是由大豆花叶病毒引起的,最早发现于 1908年,直到 1957年才由越水幸男明确了其产生的原因,而后 Ross(1963) Kenedy和 Cooper(1967),Wilcox(1968)也先后证实了这一点。大豆种粒斑驳在抗性遗传方面报导甚少,Cooper(1966)报道了“Merit”大豆品种由于单基因  $I_m$ 对褐斑免疫,并在适合褐斑表现的环境中显示部分至完全显性。吴忠璞等提出成株抗性与种粒抗性是受不同基因控制的,陈怡、栾晓燕等提出 merit对 1号株系引致种粒斑驳的抗性是受两对隐性基因控制的。本研究针对我国东北 SMV 3号株系抗源狭窄的现状,试图在明确几个抗源成株抗性遗传规律的基础上,进一步探讨其种粒斑驳抗性的遗传特点及两抗性的关系,为大豆抗源的利用和抗 SMV 育种提供可靠的依据。

## 1 材料和方法

1993~1994年配制 5个杂交组合,5个回交组合(见表 1表 3)及繁殖  $F_1$ 种子,1995年于隔离病圃种植各组合的亲本  $F_1$ 和  $BC_1$ 各一行, $F_2$ 群体 6行以上,行长 4m 行距 70cm,株距 80cm,采用汁液摩擦法人工接种 SMV 3号株系(东北农大大豆所提供),十天后重复接种一次,网室内及时防虫、除草。调查标准:子粒感病轻微,肉眼难以觉察为抗,其余为感。

## 2 结果与分析

### 2.1 亲本与 $F_1$ 代的抗性表现

5个感×抗组合的亲本及  $F_1$ 代对 SMV 3号株系的抗性表现见表 1。感病亲本接种发病后,植株 100%感病,病情指数均大于 50%,褐斑粒率在 97%~100%之间;抗病亲本 100%抗

\* 收稿日期 1997-05-28

本研究属自然科学基金资助项目。

病,病情指数都不到 2%。褐斑粒率为零。各组合的 F<sub>1</sub>代褐斑粒率在 52%~63%之间,偏高于双亲中值(C<sub>3</sub>除外)表现为抗病性部分显性遗传。

表 1 接种条件下各组合亲本及 F<sub>1</sub>抗性表现 (褐斑粒率%)

组合	亲 本	F <sub>1</sub>			双亲中值
		P <sub>1</sub>	P <sub>2</sub>	F <sub>1</sub>	
C <sub>1</sub>	合丰 25×哈 91R <sub>3</sub> -182	100	0	56.24	50
C <sub>2</sub>	黑农 35×哈 91R <sub>3</sub> -184	100	0	51.91	50
C <sub>3</sub>	合丰 35×哈 91R <sub>3</sub> -188	100	0	48.63	50
C <sub>4</sub>	垦农 4×哈 91R <sub>3</sub> -301	97.6	0	61.77	48.8
C <sub>5</sub>	哈 90-33-2×哈 91R <sub>3</sub> -310	98.1	0	64.58	49.10

## 2.2 F<sub>2</sub>群体的抗性分离

五个组合 F<sub>2</sub>群体的抗感斑驳的分离比例都接近 9:7,经适合性测验,吻合性较好,概率在 0.10~0.90之间(参见表 3),说明 5个抗性种质对 SMV3号株系其种粒斑驳抗性是受二对互补显性基因控制的。

表 2 F<sub>2</sub>代群体对 SMV3号株系种粒抗性的分离

组合	抗斑株数	斑驳病株	期望比例	$\chi^2$	P
C <sub>1</sub>	76(81)	69(63)	9:7	0.3058	0.5~0.75
C <sub>2</sub>	296(298)	235(232)	9:7	0.0524	0.75~0.90
C <sub>3</sub>	249(264)	221(205)	9:7	2.0248	0.1~0.25
C <sub>4</sub>	185(173)	122(134)	9:7	1.9834	0.1~0.25
C <sub>5</sub>	298(281)	202(219)	9:7	2.2607	0.1~0.25

## 2.3 回交世代 BC<sub>1</sub>的抗性分离

用感病亲本合丰 25黑农 35合丰 35垦农 4哈 90-33-2与其相应的组合 F<sub>1</sub>回交其后代群体表现见表 3 5个组合 BC<sub>1</sub>群体的抗感分离比例为 1:3,经 X<sup>2</sup>测验适合性较好,从而验证了 5个抗源对 3号株系种粒斑驳抗性是由二对互补显性基因控制结论的准确性。

表 3 回交组合 BC<sub>1</sub>群体对 SMV3号株系的抗性反应

组合	总株数	抗斑株数	斑驳株数	期望比例	X <sup>2</sup>	P
合丰 25×(合丰 25×哈 91R <sub>3</sub> -182)	54	12	42	1:3	0.10	0.75~0.90
黑农 35(黑农 35×哈 91R <sub>3</sub> -184)	57	16	41	1:3	0.15	0.50~0.73
合丰 35×(合丰 35×哈 91R <sub>3</sub> -188)	44	10	34	1:3	0.03	0.75~0.90
垦农 4×(垦农 4×哈 91R <sub>3</sub> -301)	43	12	31	1:3	0.07	0.75~0.90
哈 90-33-2×(哈 90-33-2×91R <sub>3</sub> -310)	41	8	33	1:3	0.40	0.50~0.75

笔者 1997年报导了文中几个抗源的成株抗性遗传特性:哈 91R<sub>3</sub>-182哈 91R<sub>3</sub>-184哈 91R<sub>3</sub>-188,其成株抗性是由二对互补隐性基因控制的;哈 91R<sub>3</sub>-301哈 91R<sub>3</sub>-310成株抗性是由二对互补显性基因控制的,并得到 BC<sub>1</sub>世代的验证。研究结果表明:几个抗源的两种抗性表现不尽一致,但共同的遗传特点是成株抗性和种粒斑驳抗性受不同的基因控制,每一个抗源的两种抗性基因都不在同一条染色体上,它们能以各自的遗传规律独立遗传。

### 3 讨论

3.1 抗种粒斑驳行为是由基因控制的,其遗传方式具有多样性,不仅有单基因遗传还存在着互补与累加的遗传方式,我们的研究结果:种粒斑驳抗性是由二对互补显性基因控制的,与前人的研究有部分相吻合。

3.2 吴忠璞曾阐明,成株与种粒抗性是由不同基因控制的,但并没有作过系统的遗传研究。本研究使成株与种粒斑驳抗性之间的关系得到了进一步完善,但与胡国华的结论:“铁 6915(东农)的两种抗性基因位于同一条染色体上且能连锁遗传”不同,可能由于抗源种质的遗传背景及所接种株系的差异所致

3.3 文中几个抗源种质有近似相同的遗传特点,系它们共有同一个亲本 D82-198 这些抗源具有熟期适中,分枝力强等优点,可作为东北区抗 SMV 育种的理想双抗型抗源广为利用。

### 参 考 文 献

- 1 胡国华.大豆抗种粒斑驳基因效应的研究.遗传学报,1995,22(2):133-141
- 2 陈怡.大豆对两个大豆花叶病毒株系的抗性遗传研究.黑龙江农业科学,1991,(5):21-24
- 3 吴忠璞.东北大豆种质资源拓宽与改良论文集,1994
- 4 越水幸男.日本植物病理学报,1957,22(1):18
- 5 Ross J. P.《Plant Dis. Rep》1968,52:344-348
- 6 Cooper R. L. Crop Sci 1966, 6:290-292
- 7 Willcox J. R. Phytopathology 1968, 58, 1446-1447

## Resistance Inheritance of Soybean Seedcoat Mottle Caused by No III (173) Strain of SMV

Luan Xiaoyan Chen Yi Du Weiguang  
Zhang Guiru Man Weiqun Gu Xiuzhi

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

**Abstract** Heredity characteristics and utilization value of 5 parents resistant to Soybean Mosaic Virus (SMV) have been revealed by analysis of  $F_1$ ,  $F_2$  and BC<sub>1</sub> population from the crosses among them. Ha 91R<sub>1</sub>-182, Ha 91R<sub>2</sub>-184, Ha 91R<sub>3</sub>-188, Ha 91R<sub>4</sub>-301 and Ha 91R<sub>5</sub>-310 had two dominant complementary genes to control the resistance. The segregation ratio of the resistant to the susceptible in  $F_2$  was 9:7. The results showed that the adult plant resistance and the seed coat mottle resistance were controlled by different genes. The five soybean germplasm are highly resistant germplasm for breeding of soybean resistant to SMV in North-east areas.

**Key words** Soybean, SMV, Resistance