

大豆品种抗大豆花叶病毒(SMV)

2、3号株系的遗传

刘显华 孙大敏 赵荣林

(吉林省农科院大豆研究所)

摘 要

以公交7901—3 × Marshall和吉林16号 × 公交7911—2两个组合的 F_1 、 F_2 及其双亲为材料,在网室隔离条件下分别接种大豆花叶病毒(SMV)2、3号株系,研究了抗SMV基因的分离规律。结果表明,公交7901—3和Marshall抗2号株系的基因均为显性;来自Marshall的抗3号株系的基因为2个独立的显性基因;来自公交7911—2的抗2号株系的基因亦为2个独立的显性基因;来自吉林16号或公交7911—2的抗3号株系的基因为隐性。这说明参试材料抗2、3号株系的基因为2对,而抗性基因的显隐性依材料而异。

对于抗SMV遗传规律的研究,国外早有报道。Koshimizu, S等^[4]研究了两个不同组合,其中一个组合的抗性为显性单基因控制,另一个组合的抗性受两对基因控制, F_2 呈7抗:9感分离。Romeu, A. S.等许多人^[2、5、6、7]的结果表明,抗性受显性单基因控制。Shin Ham Kwon等^[8]用5个组合接种SMV—N,证明控制抗性的基因是隐性单基因。这些人的研究结果,在抗SMV基因的显隐性、控制抗性的基因对数上存在着分歧。东北地区对SMV的理论研究与抗病育种均采用东北农学院吕文清等人分离的1、2、3号株系群^[1]。对于这些株系群的抗性遗传,尚未见过报道。本文试图对2、3号株系抗性基因的分离做初步研究,用以指导抗病育种实践。

材 料 与 方 法

把抗2号株系而感3号株系的公交7901—3与对2、3号株系均抗的Marshall杂交,对2、3号均感的吉林16号与抗2号但感3号的公交7911—2杂交。1985年冬把一部分 F_1 种子南繁,1986年把亲本、 F_1 及 F_2 一起播于长30米、宽5米、高2.5米的40目尼龙网室内。网室外覆盖塑料薄膜,以保证苗期接种所需温度。接种发病稳定后撤去塑料膜。播种采用4.5米行长,株距10厘米(F_1 为15厘米),每个亲本播两行, F_1 与 F_2 按株系不定行种植。接种毒原为吕文清等人分离,鉴定的2、3号株系^[1]。采用常规的摩擦接种法接种。每个亲本、 F_1 及 F_2 的各个株系均分两部分,一部分接种2号株系,另一部分接种3号株系。在真叶期(约接种后两周发病稳定时)、开花期、鼓粒期进行3次调查,记载抗病与感病株数。整个生育期间在网室内严格控制蚜虫,以防蚜虫传毒使接种的SMV株系混淆。

结 果 与 讨 论

抗性基因分离的结果列于表1。

由于公交7901—3对3号株系感病,而Marshall抗病,因而公交7901—3 × Marshall

组合F₂的15抗：1感分离，说明Marshall抗3号株系由两对显性基因控制。吉林16号对2号株系感病，而公交7911—2抗病，其杂种F₁呈15抗：1感的分离，亦表明公交7911—2对2号株系的抗性基因是两对显性基因。公交7901—3与Marshall两亲本均抗2号株

表1 SMV 2、3号株系抗性基因的分离结果 (15:1分离)

材 料	项 目	SMV株系	总株数	真叶期抗:感	X ² 测验		开花期抗:感	X ² 测验		鼓粒期抗:感	X ² 测验	
					X ²	P		X ²	P		X ²	P
♀公交7901—3	2	30	30:0			30:0			30:0			
	3	29	0:29			0:29			0:29			
♂Marshall	2	30	30:0			30:0			30:0			
	3	30	30:0			30:0			30:0			
F ₁	2	14	14:0			14:0			14:0			
	3	15	15:0			15:0			15:0			
F ₂	2	312	238:14	2.5354	0.25—1.1	290:22	0.3205	0.5—3.25	299:13	2.311	0.25—0.1	
	3	364	323:24	1.5387	0.25—3.1	346:18	1.0759	0.5—9.25	350:14	3.7063	0.1—0.5	
♀吉林16号	2	30	0:30			0:30			0:30			
	3	29	0:29			0:29			0:29			
♂公交7911—2	2	30	30:0			30:0			30:0			
	3	30	0:30			0:30			0:30			
F ₁	2	15	15:0			15:0			15:0			
	3	14	0:14			0:14			0:14			
F ₂	2	299	197:12	0.0998	0.9—0.75	199:10	0.7684	0.5—0.25	195:14	0.0720	0.90—0.75	
	3	167	6:161	2.0124	0.25—3.1	8:159	0.6071	0.5—0.25	12:155	0.2495	0.75—0.5	

系，其杂种F₁表现抗病，说明抗2号株系的基因为显性。但其F₂表现出15抗：1感的分离，可能是来自亲本之一的两个不同基因共同控制抗性，亦可能是双亲各有一个抗性基因，而彼此间互不相同。吉林16号与公交7911—2均感3号株系，其杂种F₁表现感病，表明来自任一亲本的抗性基因为隐性，但其F₂呈1抗：15感的分离比同样不能证明抗性受几对基因控制。

鉴于Romeu, A.S.Kiil等⁽⁷⁾认为Koshimizu等得出的7抗：9感结果⁽⁴⁾是由于将表现坏死的株数错误地归类为感病所造成，本试验在整个生育期进行了3次调查统计，结果表现一致，可避免此类“错误”。本试验结果与国外的研究结果^(2,4~8)无法比较。据吕文清等测定的结果，1、2、3号株系群分别包括Eui—Kyo Cho等人分类的几个株系⁽³⁾。所以，2条株系或3号株系抗性基因的分离结果，可能是Eui—Kyo Cho等人所分类的几个株系（例如G₁、G₃或G₇等）的多个抗性基因的综合结果。

根据本试验结果，大豆品种抗SMV 2、3号株系的基因不只是显性，有些材料则表现隐性。至于品种公交7901—3、Marshall抗2号株系和吉林16号、公交7911—2抗3号株系的基因对数，本试验未能证明，需进一步研究。

参 考 文 献

- [1] 吕文清等: 东北三省大豆花叶病毒株系的种类与分布, 《植物病理学报》, 1985, 15(4): 225—8.
- [2] Buzzell, R.I. et al. Inheritance of soybean resistance to soybean mosaic virus. *The Journal of Heredity*, 1984, 75: 82.
- [3] Ehi—Kyoo Cho et al. Strains of soybean mosaic virus: classification based on virulence in resistant soybean cultivars. *Phytopathology*, 1979, 69(5): 467—70.
- [4] Koshimizu, S. et al. Studied on soybean virus diseases in Japan. *Tohku (Japan) Natl. Agro. Exp. Stn. Bull.*, 1963, 27: 1—103.
- [5] Lim, S.M. A new source of resistance to soybean mosaic virus in a soybean line and its inheritance. *Pathology*, 1982, 72(7): 943.
- [6] Lim, S.M. Resistance to soybean mosaic virus in soybeans. *Phytopathology*, 1985, 75(2): 199—201.
- [7] ROmeu, A.S. Kiihl et al. Inheritance of reaction to soybean mosaic virus in soybeans. *Crop Sci.*, 1979, 19(3): 372—5.
- [8] Shin Ham Kwon et al. Resistance to a necrotic strain of soybean mosaic virus in soybean. *Crop Sci.*, 1980, 20(4): 403—4.

INHERITANCE OF SOYBEAN VARIETIES FOR RESISTANCE TO SMV STRAINS NO. 2 AND NO. 3

Liu Xianhua Sun Damin Zhao Ronglin

(*Soybean Institute, Jilin Academy of Agricultural Science*)

ABSTRACT

Gene segregations of resistance to SMV were studied, using two soybean crosses of Gong-jiao 7901-3 × Marshall and Jilin no.16 × Gong-jiao 7911-2. Parents, F₁ and F₂ plants were inoculated with SMV no. 2 and no. 3 separately in net-rooms. The SMV strains used for inoculation had been isolated and identified by Lü Wenqin et al., in Northeast Agricultural College. The result indicated that the genes of resistance to SMV strain no. 2 in Gong-jiao 7901-3 and Marshall were dominant. The two genes of resistance to SMV strain no. 3 from Marshall were independent and dominant. The two genes of resistance to SMV strain no. 2 from Gong-jiao 7911-2 were independent and dominant, too. But genes of resistance to SMV strain no. 3 from Jilin No.16 or Gong-jiao 7911-2 were recessive. This result proved that there were two independent genes controlling the resistance to SMV strain no. 2 or no. 3, and their performance were dependant on host varieties.