

大豆品种早熟 18 抗疫霉根腐病基因的 SSR 分子标记

姚海燕^{1,2}, 王晓鸣¹, 武小菲¹, 肖炎农², 朱振东¹

(¹中国农业科学院作物科学研究所/国家农作物基因资源与基因改良重大科学工程, 北京 100081;

²华中农业大学植物科学技术学院, 武汉 430070)

摘要:大豆品种早熟 18 是抗疫霉根腐病的有效抗源。本研究鉴定和分子标记早熟 18 的抗疫霉根腐病基因, 以期为该品种的有效利用及分子辅助育种奠定基础。以感病大豆品种 Williams 与早熟 18 杂交建立分离群体。抗性遗传分析表明, 早熟 18 对大豆疫霉菌抗性由 1 个显性单基因控制, 该基因被定名为 *RpsZS18*。SSR 标记连锁分析表明, *RpsZS18* 位于大豆分子遗传连锁群 D1b 上的 SSR 标记 Sat_069 和 Sat_183 之间, 与这两个标记的遗传距离分别为 10.0 cM 和 8.3 cM。 *RpsZS18* 是 D1b 连锁群上鉴定的第一个抗疫霉根腐病基因。

关键词:大豆; 早熟 18; 疫霉根腐病; 抗病基因; SSR 标记

Molecular Mapping of Phytophthora Resistance Gene in Soybean Cultivar Zaoshu 18

YAO Hai-yan^{1,2}, WANG Xiao-ming¹, WU Xiao-fei¹, XIAO Yan-nong², ZHU Zhen-dong¹

(¹Institute of Crop Sciences, Chinese Academy of Agricultural Sciences/The National Key Facility for

Crop Gene Resources and Genetic Improvement, Beijing 100081; ²College of Plant Science and

Technology, Huazhong Agricultural University, Wuhan 430070)

Abstract: Soybean cv. Zaoshu 18 had been identified as an effective source resistant to Phytophthora root rot of soybean. The objectives of this study were to identify and map the Phytophthora resistance gene in Zaoshu 18 in order to facilitate its utilization and marker-assisted breeding. Zaoshu 18 was crossed with susceptible cultivar Williams to develop mapping populations. Genetic analysis of F₂ and F_{2,3} progenies indicated that resistance to *Phytophthora sojae* in Zaoshu 18 was controlled by a dominant single gene. The resistance gene was temporarily designated as *RpsZS18*. Based on linkage analysis of SSR markers, *RpsZS18* was located on soybean molecular linkage group (MLG) D1b between SSR markers Sat_069 and Sat_183 with genetic distances 10.0cM and 8.3cM, respectively. It was the first locus for Phytophthora resistance that had been identified on MLG D1b.

Key words: Soybean; Zaoshu 18; Phytophthora root rot; Resistance gene; SSR marker

由大豆疫霉菌 (*Phytophthora sojae*) 引起的疫霉根腐病 (Phytophthora root rot) 是具有毁灭性的大豆土传病害之一。该病于 1948 年在美国东北部的印第安纳州首次发现, 目前已分布在世界主要大豆产区, 成为严重影响大豆生产的重要病害之一^[1]。1989 年, 苏彦纯等^[2]首次在我国东北大豆主产区分

离大豆疫霉菌。近年来, 大豆疫霉根腐病在我国发生范围逐渐扩大, 对大豆生产的危害性日益突出^[3]。利用抗病品种是控制大豆疫霉根腐病最经济、有效的措施^[4]。大豆与大豆疫霉菌的互作是典型的“基因对基因”关系。自 Bernard 等^[5]鉴定出第一个大豆抗疫霉根腐病基因 *Rps1* 以来, 迄今已在

收稿日期: 2009-03-04

修回日期: 2009-09-05

基金项目: 公益性行业 (农业) 科研专项 (3-20) “十一五” 国家科技支撑计划 (2006BAD08A08); 中国农业科学院作物科学研究所中央级公益性科研院所基本科研业务费专项 (082060302-06); 作物种质资源保护子项目 (NB06-070401 (23-27)-18)

作者简介: 姚海燕, 硕士

通讯作者: 朱振东, 研究员。E-mail: zhuzd115@caas.net.cn

大豆基因组的9个座位鉴定了15个抗疫霉根腐基因。这些基因被分别作图到大豆分子遗传图谱J、F、G、N和L分子链锁群(MLG)上^[6-12]。然而,由于大豆疫霉菌具有高度的变异性,不断产生的新的毒力突变体很容易克服大豆品种的抗性。一般认为大豆抗疫霉根腐病基因的使用寿命为10~15年^[4],但是新抗病基因被克服的速度正在加快,如*Rps8*被鉴定后不到3年,就已发现能够克服其抗性的大豆疫霉菌毒力型。虽然,在我国有目的利用抗病品种进行大豆疫霉根腐病防治才刚刚起步,但大豆疫霉菌的毒力结构已相当复杂,除少数几个抗病基因外(如*Rps1c*、*Rps1k*),部分已知的大豆抗病基因已不具有利用价值。因此,急需发掘新的抗病基因。

早熟18是黄淮地区广泛栽培的大豆品种,具有抗倒伏、抗裂荚和抗紫斑以及高抗3种类型花叶病毒病和8个灰斑病生理小种特点^[13]。陈晓玲等^[14]对早熟18抗疫霉根腐病研究表明,该品种对大豆疫霉菌具有广谱抗性,可能含有新的抗大豆疫霉根腐病基因。本研究利用SSR技术对早熟18抗疫霉根腐病基因进行鉴定,寻找与抗病基因紧密连锁的分子标记,以期为该品种抗性的有效利用奠定基础。

1 材料与方法

1.1 试验材料

大豆品种早熟18、Williams和PI399073由中国农业科学院作物科学研究所提供。Williams和PI399073为引进的美国大豆品种,其中Williams不含有任何抗大豆疫霉根腐病基因,PI399073含有*Rps8*。抗大豆疫霉根腐病单基因品种(系)Harlon(*Rps1a*)、Harosoy13XX(*Rps1b*)、Williams79(*Rps1c*)、PI103091(*Rps1d*)、Williams82(*Rps1k*)、L76-1988(*Rps2*)、L83-570(*Rps3a*)、PRX146-36(*Rps3b*)、PRX145-48(*Rps3c*)、L85-2352(*Rps4*)、L85-3059(*Rps5*)、Harosoy62XX(*Rps6*)和Harosoy(*Rps7*)由美国俄亥俄州立大学提供,本研究组繁殖保存。作图群体为Williams×早熟18杂交组合衍生的1个F₂群体及其衍生的F_{2,3}家系。用于抗病性评价的大豆疫霉菌菌株为41-1,其毒力型为1a、1d、3a、3b、3c、5、6、7、8。菌株保存在稀释V8汁琼脂培养基,试验前转入含1%琼脂的胡萝卜培养基平板,在25℃黑暗条件下培养8~10d用于接种。菌株的毒力及用于抗性鉴定有效性用苗期下胚轴创伤接种早熟18、Williams和14个鉴别品种(系)进行检测。

1.2 抗性鉴定方法

F₁、F₂群体抗病性鉴定方法采用离体子叶伤口接种^[15]。种子播种在以粗蛭石为基质的塑料钵中,播种后于18~26℃的温室培养。待子叶平展后,每株剪取1个健康子叶依次摆放在预先准备好的铺有3层用无菌水湿润的滤纸的搪瓷盘(30cm×20cm×3cm)内,每个子叶中央用针头刺5个小伤口,然后用5ml注射器将41-1菌株菌丝体匀浆物接种在伤口上。接种后搪瓷盘用保鲜膜封紧,然后放入光照培养箱,在22~24℃、12h光照/12h黑暗条件下培养,4~5d后调查并记录结果。抗性评价参照Morrison等^[15]标准,子叶完全腐烂或大部分产生黑褐色水浸状病斑为感病(Susceptible, S),子叶健康或产生黑褐色病斑较小为抗病(Resistant, R)。

F_{2,3}家系采用改进下胚轴创伤接种法进行抗病性鉴定。每个家系分别取20~30粒播种于以粗蛭石为基质的直径为10cm的塑料花盆中,出苗前温室温度控制在25~29℃,出苗后温度控制在18~25℃,培养12d后接种。接种方法为先用注射器针尖在大豆叶子下1cm处划0.8cm长的伤口,然后将混匀的菌丝体注于伤口处。接种后在21~25℃条件下保湿48h,然后转入温室培养,4~5d后进行病情调查。抗性评价标准参照Gordon等^[7]方法,即一个家系如果有80%以上的植株死亡则为感病,如果有80%以上植株正常生长则为抗病,死亡植株在20%~80%的为杂合。

1.3 大豆基因组DNA提取与抗感池建立

F₂群体在取子叶进行抗病性鉴定后移栽到田间。在营养生长阶段,每个单株取幼嫩叶提取基因组DNA^[16]。用于分离群体分组分析的抗感池按Michellmore等^[17]的方法构建,等量取5个抗病单株DNA混合建立抗池,等量取5个感病单株DNA混合建立感池。

1.4 SSR标记分析

SSR引物序列来源于网址<http://bldg6.arsusda.gov/%7Epooley/soy/cregan/soymap.htm>和Zheng等^[18],引物由上海生工公司合成。

PCR扩增参照宋显军等^[19]程序,并略作修改。PCR反应体系为10μl,其中10×PCR buffer 1μl,4种dNTPs 150μmol/L,SSR引物0.15μmol/L,Taq聚合酶0.5U,模板DNA 2ng/μl, Mg²⁺ 2mmol/L, ddH₂O补足。反应程序为94℃预变性3min;94℃变性25s;47℃退火30s;72℃延伸30s,31个循环;72℃延伸5min;4℃下保存。扩增在PCR-100扩增仪(MJ Research公司产品)上进行。PCR产物电泳和银染参照Tixier等^[20]方法。PCR产物用6%的变性聚丙烯酰胺

胺凝胶电泳,电泳缓冲液为 $0.5 \times \text{TBE}$,70W 恒功率电泳 1h 后银染检测,记录分子带型。

在大豆基因组随机均匀选取 SSR 引物筛选早熟 18 和 Williams、抗池和感池间的多态性标记。对抗、感池间产生稳定多态性的标记,用 F_2 群体验证 SSR 标记与大豆疫霉根腐抗性基因的连锁关系。

1.5 数据分析

用 Mapmaker 3.0b 软件分析 SSR 标记与抗病基因之间的连锁关系^[21]。重组率用 Kosambi 作图方程转换成遗传距离。似然率的十进制对数 (LOD) 被用于连锁可靠性的检测尺度,如果标记的 LOD 阈值小于或等于 3.0 被认为连锁。应用 Mapdraw 软件绘制抗病基因及其连锁 SSR 标记的遗传图谱。

2 结果与分析

2.1 亲本及其后代对 41-1 菌株的抗性遗传分析

接种大豆疫霉菌 41-1 菌株后,早熟 18 和 Williams 反应与预期的一致,早熟 18 死亡率为 0,表现

为抗病;Williams 死亡率为 100%,为感病。 F_1 接种后全部表现为抗病,与早熟 18 的表现一致,表明抗病基因为显性。

F_2 群体和 $F_{2,3}$ 家系接种 41-1 菌株后的鉴定结果见表 1。在鉴定的 196 个 F_2 单株中,表现为抗病的植株有 153 株,感病植株 43 株。经 χ^2 适合性检测, F_2 群体的抗感分离比符合 3:1 的比例 ($\chi^2 = 0.98 < \chi_{0.05}^2 = 3.84$)。在鉴定的 $F_{2,3}$ 的 196 个家系中,55 个家系为纯合抗病,100 个家系为杂合,41 个家系为感病,纯合抗病、杂合、感病比经 χ^2 检测,符合 1:2:1 的分离比 ($\chi^2 = 2.08 < \chi_{0.05}^2 = 5.99$)。以上结果表明,大豆品种早熟 18 对大豆疫霉菌的抗性由 1 对显性单基因控制,该基因被暂定名为 *RpsZS18*。

2.2 抗病基因 *RpsZS18* 的 SSR 标记与作图

从大豆基因组分子图谱上随机均匀地选择 753 对 SSR 引物在早熟 18 和 Williams 之间筛选多态性标记,其中有 202 对引物产生多态性,亲本间多态性引物检出率为 26.8%。随后,再将这 202 对引物在

表 1 早熟 18、Williams 及其杂交后代对大豆疫霉菌的反应

Table 1 Reactions of Zaoshu 18, Williams, F_1 , F_2 and $F_{2,3}$ progenies from the cross of Williams \times Zaoshu 18 to *Phytophthora sojae*

品种与组合 Cultivar and cross	世代 Generation	数量 Number	反应型 reaction type			期望比 Expected ratio	χ^2
			抗病 Resistant	分离 Segregant	感病 Susceptible		
早熟 18	P_1	20	20	—	0	—	—
Williams	P_2	20	0	—	20	—	—
Williams \times 早熟 18	F_1	5	5	—	—	—	—
Williams \times 早熟 18	F_2	196	153	—	43	3:1	0.98
Williams \times 早熟 18	$F_{2,3}$	196	55	100	41	1:2:1	2.08

抗池和感池间进行多态性筛选,发现位于大豆分子遗传图谱的 D1b 连锁群的 Sat_069 和 Sat_183 在抗感池间扩增出多态性片段,推测它们可能与抗病性相关。进一步用标记 Sat_069 和 Sat_183 检测 F_2 群

体,这两个标记在检测群体中的分离比经 χ^2 检测符合 1:2:1 (表 2),为共显性标记。

表 2 抗疫霉根腐病基因 *RpsZS18* 及其连锁的 SSR 标记在早熟 18 与 Williams F_2 群体中的分离

Table 2 Segregation analysis of *RpsZS18* gene and linked SSR markers in F_2 population from the cross of Williams and Zaoshu 18

基因/标记 Gene/marker	群体数 No. of F_2 population	观察数 Observed No.			期望比 Expected ratio	χ^2	$P_{0.05}$ 值
		AA	AB	BB			
<i>RpsZS18</i>	196	56	99	41	1:2:1	2.31	0.25 ~ 0.50
CSSR45	183	46	106	34	1:2:1	2.10	0.25 ~ 0.50
Satt172	168	47	79	42	1:2:1	0.90	0.50 ~ 0.75
Sat_069	169	45	86	38	1:2:1	0.63	0.50 ~ 0.75
Sat_183	171	44	93	34	1:2:1	2.49	0.25 ~ 0.50
Satt274	170	41	95	34	1:2:1	2.93	0.25 ~ 0.10
Sat_198	167	41	89	37	1:2:1	0.91	0.50 ~ 0.75
Sat_415	171	51	82	38	1:2:1	2.26	0.25 ~ 0.50
Sat_289	170	35	95	40	1:2:1	2.65	0.25 ~ 0.50

AA = 早熟 18 的基因型; AB = 杂合基因型; BB = Williams 的基因型。在 $P = 0.05$ 下显著值, 1 df = 3.84, 2 df = 5.99

AA = genotype of Zaoshu 18; AB = heterozygous genotype; BB = genotype of Williams. Values for significance at $P = 0.05$, 1 df = 3.84, 2 df = 5.99

图1是标记 Sat_183 在部分 F₂ 单株的扩增结果。连锁分析表明,标记 Sat_069 和 Sat_183 与抗病基因

RpsZS18 连锁。基于这两个标记在大豆连锁图谱中的位置,将 *RpsZS18* 定位在 D1b 分子连锁群上。

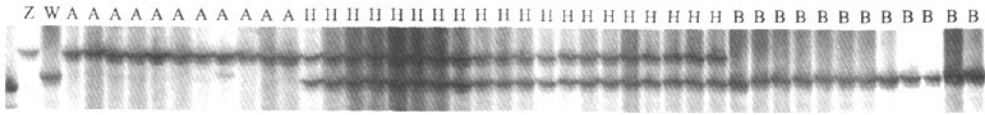


图1 Sat_183 在部分 F₂ 单株中的扩增结果

Fig.1 Amplified products of SSR marker Sat_183 in partial F₂ plants

Z:早熟 18 Zaoshu 18; W:Williams; A:同早熟 18 基因型 F₂ 单株 F₂ plants with genotype the same as Zaoshu 18; B:同 Williams 基因型 F₂ 单株 F₂ plants with genotype the same as Williams; H:杂合基因型 F₂ 单株 F₂ plants with heterozygous genotype

为了更加准确地定位 *RpsZS18*,用 D1b 连锁群上的其他 SSR 标记直接进行 F₂ 群体的基因型鉴定。连锁分析表明, CSSR45、Satt172、Satt274、Sat_198、Sat_415 和 Sat_289 等 6 个标记与 *RpsZS18* 连锁。这些标记在分离群体均呈 1:2:1 分布,为共显性标记(表 2)。

用 Mapmaker3.0b 软件构建了 *RpsZS18* 和 8 个连锁 SSR 标记的遗传连锁图(图 2)。在该连锁图上,标记 Sat_069 和 Sat_183 定位于 *RpsZS18* 的两侧,与该基因的遗传距离分别为 10.0 cM 和 8.3 cM。标记 CSSR45 和 Satt172 位于 Sat_069 一侧,而标记 Satt274、Sat_198、Sat_415 和 Satt289 位于 Sat_183 一侧。标记在连锁图上的位置与 Song 等^[22] 构建的遗传图谱上的标记一致。

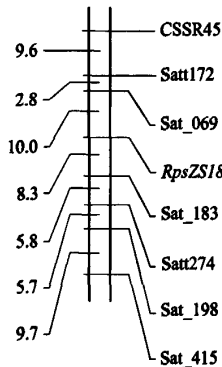


图2 *RpsZS18* 及其连锁的 SSR 标记遗传连锁图在大豆 D1b 连锁群上的位置

Fig.2 Genetic linkage map of *RpsZS18* and the linked SSR markers on MLG D1b of soybean

3 讨论

迄今,已在大豆基因组的 9 个座位鉴定了 15 个抗大豆疫霉根腐病基因^[6-12]。本研究在大豆品种早熟 18 中鉴定了一个抗疫霉根腐病基因 *RpsZS18*,与其他已鉴定的抗疫霉根腐病基因一样, *RpsZS18* 为

显性单基因。应用 SSR 标记将 *RpsZS18* 定位在大豆基因组分子连锁群 D1b 上。除 3 个抗疫霉根腐病 QTLs 外, *RpsZS18* 是第一个在分子连锁群 D1b 上定位的抗疫霉根腐病基因。

在分子连锁群 D1b 上, Burnham 等^[23] 鉴定 1 个与 SSR 标记 Satt579 最近遗传距离为 3.0cM 的抗疫霉根腐病 QTL, Han 等^[24] 鉴定 2 个分别与 SSR 标记 Satt274 连锁紧密抗疫霉根腐病 QTLs。本研究作图表明, *RpsZS18* 与 SSR 标记 Satt274 的连锁距离为 14.1 cM。因此, Han 等^[24] 鉴定的 2 个 QTLs 可能与 *RpsZS18* 在相同的基因组区域^[22]。

在大豆分子连锁群 D1b 上也已定位了多个抗大豆花叶病毒基因。 Hayes 等^[25] 将 *Rsv4* 定位在 D1b 连锁群上。王永军等^[26]、战勇等^[27]、郭东全等^[28] 和栾晓燕等^[29] 在此连锁群上分别定位了抗花叶病毒基因 *Rsa*、*Rsc-7*、*Rsc-8*、*Rsc-9*、*Rsc-13*、*Rn1*、*Rn3* 和 *Rsmv3*。通过关联分析,袁翠平等^[30] 推测我国大豆晋 1261、晋 1267 和晋 1265 在分子连锁群 D1b 上至少存在 1 个新的抗大豆胞囊线虫 4 号小种(SCN 4)基因,这 3 个品系是通过常规杂交方法由对多个生理小种表现免疫或高抗灰皮支黑豆选育而来。此外,在大豆分子连锁群 D1b 上也已检测到多个抗虫 QTLs,如 1 个抗斜纹夜蛾 QTL^[31]、4 个抗谷实夜蛾 QTLs^[32-34] 和 1 个抗筛豆龟蜻 QTL^[35]。这些研究表明,大豆分子连锁群 D1b 存在抗性基因簇。

早熟 18 对大豆疫霉菌具有广谱抗性,是目前国内筛选出的较有利用价值的抗源之一。本研究将早熟 18 抗疫霉根腐病基因 *RpsZS18* 定位在 SSR 标记 Sat_069 和 Sat_183 之间,与两个 SSR 标记的遗传距离分别为 10.0cM 和 8.3cM。由于与 *RpsZS18* 的连锁距离较远,单独用这两个 SSR 标记进行抗病基因鉴定的准确率较低,但用两个标记进行基因型鉴定的准确率理论上将提高到 98.34%,可以满足抗病育种分子辅助选择的要求。早熟 18 高抗所有东北

SMV 株系和抗大部分南方株系^[36],作为抗源已育成多个抗大豆花叶病品种,如中黄 37、汾豆 65、晋豆 29、晋豆 34、晋遗 31 等。Liao 等^[37]等位测验研究表明,早熟 18 含有 2 个抗大豆花叶病毒基因(*Rsv1* 和 *Rsv3*)。最近 Shi 等^[38]应用分子标记方法证明 *Rsv1* 座位在早熟 18 中的存在。由于与抗病基因连锁分子标记已经建立,利用标记辅助选择同时进行抗疫霉根腐病和花叶病品种的选育将成为可能。

致谢:感谢中国农业科学院作物科学研究所邱丽娟研究员、刘章雄副研究员提供部分研究材料。

参考文献

- [1] Wrather J A, Anderson T R, Arsyad D M, et al. Soybean disease loss estimates for the top ten soybean-producing countries in 1998 [J]. *Can J Plant Pathol*, 2001, 23: 115-121
- [2] 苏彦纯,沈崇尧.大豆疫霉菌在中国的发现及其生物学特性的研究[J]. *植物病理学报*, 1993, 23(4): 341-347
- [3] 韩晓增,何志鸿,张增敏.大豆主要病虫害防治技术[J]. *大豆通报*, 1998(6): 5-6
- [4] Schmitthenner A F. Problems and progress in control *Phytophthora* root rot of soybean [J]. *Plant Dis*, 1985, 69: 362-368
- [5] Bernard R L, Smith P E, Kaufmann M J, et al. Inheritance of resistance to *Phytophthora* root and stem rot in soybean [J]. *Agron J*, 1957, 49: 391
- [6] Anderson T R, Buzzell R I. Inheritance and linkage of the *Rps7* gene for resistance to *Phytophthora* rot of soybean [J]. *Plant Dis*, 1992, 76: 958-959
- [7] Gordon S G, St Martin S K, Dorrance A E. *Rps8* maps to a resistance gene rich region on soybean molecular linkage group F [J]. *Crop Sci*, 2006, 46: 168-173
- [8] 朱振东,霍云龙,王晓鸣,等.一个抗大豆疫霉根腐病新基因座的分子鉴定[J]. *作物学报*, 2007, 33(1): 154-157
- [9] Dermirbas A, Rector B G, Lohnes D C, et al. Simple sequence repeat markers linked to the soybean *Rps* genes for *Phytophthora* resistance [J]. *Crop Sci*, 2001, 41: 1220-1227
- [10] Weng C, Yu K, Anderson T R, et al. Mapping genes conferring resistance to *Phytophthora* root rot of soybean, *Rps1a* and *Rps7* [J]. *J Hered*, 2001, 95: 442-446
- [11] Sandhu D, Gao H, Cianzio S, et al. Deletion of a disease resistance nucleotide-binding-site leucine-rich-repeat-like sequence is associated with the loss of the *Phytophthora* resistance gene *Rps4* in soybean [J]. *Genetics*, 2004, 168: 2157-2167
- [12] Sandhu D, Schallock K G, Rivera-Velez N, et al. Soybean *Phytophthora* resistance gene *Rps8* maps closely to the *Rps3* region [J]. *J Hered*, 2005, 96: 536-541
- [13] 柏惠侠,林建兴,朱保惠,等.大豆新品种早熟 18 号的选育[J]. *北京农业科学*, 2001(3): 35-36
- [14] 陈晓玲,朱振东,王晓鸣,等.大豆品系抗疫霉根腐病基因推导[J]. *中国农业科学*, 2008, 41(4): 1227-1234
- [15] Morrison R H, Thorne J C. Inoculation of detached cotyledons for screening soybeans against two races of *Phytophthora megasperma* var. *sojae* [J]. *Crop Sci*, 1978, 18: 1089-1091
- [16] Panabieres F, Marais A, Trentin F, et al. Repetitive DNA polymorphism analysis as a tool for identifying *Phytophthora* species [J]. *Phytopathol*, 1989, 79: 1105-1109
- [17] Michelmore R M, Paran I, Kesseli R V. Identification of markers linked to disease resistance genes by bulked segregant analysis: A rapid method to detect markers in specific genomic regions by using segregating Populations [J]. *PNAS*, 1991, 88: 9828-9832
- [18] Zheng J X, Yasutaka T, Masako H, et al. An integrated high-density linkage map of soybean with RFLP, SSR, STS, and AFLP markers using a single F₂ population [J]. *DNA Res*, 2007, 14: 257-269
- [19] 宋显军,谢甫弟,张伟,等.大豆 SSR 检测体系的优化研究[J]. *大豆科学*, 2007, 26(1): 36-40
- [20] Tixier M H, Sourdille P, Roder M, et al. Detection of wheat microsatellites using a nonradioactive silver nitrate staining method [J]. *J Genet Breed*, 1997, 51: 175-177
- [21] Lander E S, Green P, Abrahamson J, et al. MAPMAKER: an interactive computer package for constructing primary genetic maps of experimental and natural populations [J]. *Genomics*, 1987, 1: 174-181
- [22] Song Q J, Marker R C, Lark K G, et al. A new integrated genetic linkage map of the soybean [J]. *Theor Appl Genet*, 2004, 109: 122-128
- [23] Burnham K D, Dorrance A E, VanToai T T, et al. Quantitative trait loci for partial resistance to *Phytophthora sojae* in soybean [J]. *Crop Sci*, 2003, 43: 1610-1617
- [24] Han Y, Teng W, Yu K, et al. Mapping QTL tolerance to *Phytophthora* root rot in soybean using microsatellite and RAPD/SCAR derived markers [J]. *Euphytica*, 2008, 162: 231-239
- [25] Hayes A J, Ma G, Buss G R, et al. Molecular marker mapping of *Rsv4*, a gene conferring resistance to all known strains of soybean mosaic virus [J]. *Crop Sci*, 2000, 40: 1434-1437
- [26] 王永军,东方阳,王修强,等.大豆 5 个花叶病毒株系抗性基因定位[J]. *遗传学报*, 2004, 31(1): 87-90
- [27] 战勇,喻德跃,陈受宜,等.大豆对 SMV SC-7 株系群的抗性遗传与基因定位[J]. *作物学报*, 2006, 32(6): 936-938
- [28] 郭东全,王延伟,智海剑,等.大豆对 SMV SC-13 株系群的抗性遗传及基因定位的研究[J]. *大豆科学*, 2007, 26(1): 21-24
- [29] 栾晓燕,李宗飞,满为群,等.与大豆 SMV3 号株系抗性相关的分子标记的鉴定[J]. *分子植物育种*, 2006, 4(6): 841-845
- [30] 袁翠平,卢为国,刘章雄,等.大豆抗胞囊线虫 4 号生理小种新品系 SSR 标记分析[J]. *作物学报*, 2008, 34(10): 1858-1864
- [31] 付三雄,王惠,吴娟娟,等.应用重组自交系群体定位大豆抗虫 QTL [J]. *遗传*, 2007, 29(9): 1139-1143
- [32] Terry L I, Chase K, Jarvik T, et al. Soybean quantitative trait loci for resistance to insects [J]. *Crop Sci*, 2000, 40: 375-382
- [33] 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]. *Theor Appl Genet*, 1998, 96: 786-790.
- [34] Rector B G, All J N, Parrott W A, et al. Quantitative trait loci for antibiosis resistance to corn earworm in soybean [J]. *Crop Sci*, 2000, 40: 233-238
- [35] 邢光南,周斌,赵团结,等.大豆抗筛豆龟蝇 *Megacota cribraria* (Fabricius) 的 QTL 分析[J]. *作物学报*, 2008, 34(3): 361-368
- [36] 战勇,智海剑,喻德跃,等.黄淮地区大豆花叶病毒株系的鉴定与分布[J]. *中国农业科学*, 2006, 39(10): 2009-2015
- [37] Liao L, Chen P, Buss G R, et al. Inheritance and allelism of resistance to soybean mosaic virus in Zao18 soybean from China [J]. *J Hered*, 2002, 93: 447-452
- [38] Shi A, Chen P, Zheng C, et al. A PCR-based marker for the *Rsv1* locus conferring resistance to soybean mosaic virus [J]. *Crop Sci*, 2008, 48: 262-268

大豆品种早熟18抗疫霉根腐病基因的SSR分子标记

作者: [姚海燕](#), [王晓鸣](#), [武小菲](#), [肖炎农](#), [朱振东](#), [YAO Hai-yan](#), [WANG Xiao-ming](#), [WU Xiao-fei](#), [XIAO Yan-nong](#), [ZHU Zhen-dong](#)

作者单位: [姚海燕, YAO Hai-yan\(中国农业科学院作物科学研究所/国家农作物基因资源与基因改良重大科学工程, 北京, 100081; 华中农业大学植物科学技术学院, 武汉, 430070\)](#), [王晓鸣, 武小菲, 朱振东, WANG Xiao-ming, WU Xiao-fei, ZHU Zhen-dong\(中国农业科学院作物科学研究所/国家农作物基因资源与基因改良重大科学工程, 北京, 100081\)](#), [肖炎农, XIAO Yan-nong\(华中农业大学植物科学技术学院, 武汉, 430070\)](#)

刊名: [植物遗传资源学报](#) **ISTIC|PKU**

英文刊名: [JOURNAL OF PLANT GENETIC RESOURCES](#)

年, 卷(期): 2010, 11(2)

参考文献(38条)

1. 柏惠侠;林建兴;朱保葛 [大豆新品种早熟18号的选育](#)[期刊论文]-[北京农业科学](#) 2001(03)
2. Sandhu D;Schallock K G;Rivera-Velez N [Soybean Phytophthora resistance gene Rps8 maps closely to the Rps3 region](#)[外文期刊] 2005(5)
3. Bernard R L;Smith P E;Kaufmann M J [Inheritance of resistance to Phytophthora root and stem rot in soybean](#) 1957
4. Sohmitthenner A F [Problems and progress in control Phytophthora root rot of soybean](#)[外文期刊] 1985
5. 王永军;东方阳;王修强 [大豆5个花叶病毒株系抗性基因定位](#)[期刊论文]-[遗传学报](#) 2004(01)
6. Hayes A J;Ma G;Buss G R [Molecular marker mapping of Rsv4.a gene conferring resistance to all known strains of soybean mosaic virus](#) 2000
7. 韩晓增;何志鸿;张增敏 [大豆主要病虫害防治技术](#) 1998(06)
8. 陈晓玲;朱振东;王晓鸣 [大豆品种抗疫霉根腐病基因推导](#)[期刊论文]-[中国农业科学](#) 2008(04)
9. Dermirbas A;Rector B G;Lohnes D G [Simple sequence repeat markers linked to the soybean Rps genes for Phytophthora resistance](#)[外文期刊] 2001(4)
10. 朱振东;霍云龙;王晓鸣 [一个抗大豆疫霉根腐病新基因的分子鉴定](#)[期刊论文]-[作物学报](#) 2007(01)
11. Cordon S G;St Martin S K;Dornmce A E [Rps8 maps to a resistance gene rich region on soybean molecular linkage group F](#)[外文期刊] 2006(1)
12. Anderson T R;Buzzell R I [Inheritance and linkage of the Rps7 gene for resistance to Phytophthora rot of soybean](#) 1992
13. Shi A;Chen P;Zheng C A [PCR-based marker for the Rsv1 locus conferring resistance to soybean mosaic virus](#) 2008
14. Liao L;Chen P;Buss G R [Inheritance and allelism of resistance to soybean mosaic virus in Zao18 soybean from China](#) 2002
15. 战勇;智海剑;喻德跃 [黄淮地区大豆花叶病毒株系的鉴定与分布](#)[期刊论文]-[中国农业科学](#) 2006(10)
16. 邢光南;周斌;赵团结 [大豆抗筛豆龟霉Megacota cribraria \(Fabricius\)的QTL分析](#)[期刊论文]-[作物学报](#) 2008(03)
17. Rector B G;All J N;Parrott W A [Quantitative trait loci for antibiosis resistance to corn earworm in soybean](#)[外文期刊] 2000(1)
18. Rector B G;All J N;Parrott W A [Identification of molecular markers linked to quantitative trait](#)

19. Terry L I;Chase K;Jarvik T Soybean quantitative trait loci for resistance to insects[外文期刊] 2000(2)
20. 付三雄;王惠;吴娟娟 应用重组自交系群体定位大豆抗虫QTL[期刊论文]-遗传 2007(09)
21. 袁翠平;卢为国;刘章雄 大豆抗胞囊线虫4号生理小种新品系SSR标记分析[期刊论文]-作物学报 2008(10)
22. 栾晓燕;李宗飞;满为群 与大豆SMV3号株系抗性相关的分子标记的鉴定[期刊论文]-分子植物育种 2006(06)
23. 郭东全;王延伟;智海剑 大豆对SMV SC-13株系群的抗性遗传及基因定位的研究[期刊论文]-大豆科学 2007(01)
24. 战勇;喻德跃;陈受宜 大豆对SMV SC-7株系群的抗性遗传与基因定位[期刊论文]-作物学报 2006(06)
25. 苏彦纯;沈崇尧 大豆疫霉病菌在中国的发现及其生物学特性的研究 1993(04)
26. Han Y;Teng W;Yu K Mapping QTL tolerance to Phytophthora root rot in soybean using microsatellite and RAPD/SCAR derived markers 2008
27. Burnham K D;Dorrance A E;VanToai T T Quantitative trait loci for partial resistance to Phytophthora sojae in soybean[外文期刊] 2003(5)
28. Song Q J;Marker R C;Lark K G A new integrated genetic linkage map of the soybean[外文期刊] 2004(1)
29. Lander E S;Green P;Abrahamson J MAPMAKER:an interactive computer package for constructing primary genetic maps of experimental and natural populations 1987
30. Tixier M H;Sourdille P;Roder M Detection of wheat microsatellites using a nonradioactive silver nitrate staining method 1997
31. 宋显军;谢甫弟;张伟 大豆SSR检测体系的优化研究[期刊论文]-大豆科学 2007(01)
32. Zheng J X;Yasutaka T;Masako H An integrated high-density linkage map of soybean with RFLP, SSR, STS, and AFLP markers using a single F₂ population 2007
33. Michelmore B M;Paran I;Kesseli R V Identification of markers linked to disease resistance genes by bulked segregant analysis:A rapid method to detect markers in specific genomic regions by using segregating Populations 1991
34. Panabieres F;Marais A;Trentin F Repetitive DNA polymorphism analysis as a tool for identifying Phytophthora species[外文期刊] 1989
35. Morrison R H;Thome J C Inoculation of detached cotyledons for screening soybeans against two races of Phytophthora megasperma var. sojae 1978
36. Sandhu D;Gao H;Cianzio S Deletion of a disease resistance nucleotide-binding-site leucine-rich-repeat-like sequence is associated with the loss of the Phytophthora resistance gene Rps4 in soybean 2004
37. Weng C;Yu K;Anderson T R Mapping genes conferring resistance to Phytophthora root rot of soybean, Rps1a and Rps7 2001
38. Wrather J A;Anderson T R;Arsyad D M Soybean disease loss estimates for the top ten soybean-producing countries in 1998 2001

1. [夏长剑](#), [张吉清](#), [王晓鸣](#), [武小菲](#), [刘章雄](#), [朱振东](#) 大豆资源抗疫霉根腐病基因分析[期刊论文]-[中国油料作物学报](#)
2011(4)

本文链接: http://d.g.wanfangdata.com.cn/Periodical_zwyczyxb201002016.aspx