

大豆种质对 SMV 成株和种粒斑驳抗性的 SSR 标记辅助鉴定

李文福^{1,2}, 朱晓双^{1,2}, 王晓锋⁴, 王 堃^{1,2}, 刘春燕^{1,2}, 陈庆山^{1,2}, 胡国华^{1,3}

(¹黑龙江省农垦科研育种中心, 哈尔滨 150090; ²东北农业大学农学院, 哈尔滨 150030;

³国家大豆工程技术研究中心, 哈尔滨 150050; ⁴黑龙江省建三江农业科学研究所, 富锦 156300)

摘要:对 186 份大豆种质资源进行了成株和种粒斑驳抗性鉴定, 并利用与成株抗性及种粒斑驳抗性分别相关的 SSR 标记验证抗病毒分子辅助选择的可行性。结果表明: 接种 SMV1, 选出成株和种粒双抗种质 38 份, 成株抗病种质 149 份, 种粒抗病种质 45 份, 成株和种粒双感种质 26 份。利用与成株抗性相关的 SSR 标记 Sat_229、Sat_317、Satt335、Satt160、Satt516、Sat_309 进行检测, 抗病毒资源筛选的准确率分别达到 68.9%、74.3%、71.1%、69.8%、77.4% 和 68.2%。利用与种粒斑驳抗性相关的 SSR 标记 Sat_297、Sat_229、Sat_317、Satt335、Sct_188、Satt160、Satt516、Sat_133 进行检测, Sat_317 标记准确率达 79.1%, 标记 Sat_229、Satt335、Satt516 和 Sat_133 抗病毒资源筛选的准确率均达 70% 以上, 可以用作抗病毒分子辅助育种的选择标记。

关键词:大豆花叶病毒; 种质资源; 种粒斑驳; 分子标记; 辅助选择

Identification of the SMV Adult-Plant and Seed Coat Mottling Resistance in Soybean Germplasms Using SSR Markers

LI Wen-fu^{1,2}, ZHU Xiao-shuang^{1,2}, WANG Xiao-feng⁴, WANG Kun^{1,2},
LIU Chun-yan^{1,2}, CHEN Qing-shan^{1,2}, HU Guo-hua^{1,3}

(¹The Crop Research and Breeding Center of Land-Reclamation, Harbin 150090;

²College of Agriculture, Northeast Agricultural University, Harbin 150030;

³The National Research Center of Soybean Engineering and Technology, Harbin 150050;

⁴Jiansanjiang Institute of Agricultural Sciences in Heilongjiang, Fujin 156300)

Abstract: One hundred and eighty six soybean germplasms were screened for resistance to adult-plant and seed coat mottling by the inoculation of strain SMV1, and the coincident rate between adult-plant resistance, seed coat mottling resistance to SMV and linkage SSR markers were evaluated. The results showed that among these 186 germplasms, 38 were resistant to both adult-plant and seed coat mottling; 149 were only resistant to adult-plant; 45 were only resistant to seed coat mottling; and 26 were both susceptible to adult-plant and seed coat mottling. 6 SSR markers, Sat_229, Sat_317, Satt335, Satt160, Satt516 and Sat_309, related to SMV adult-plant resistance, were used to identify the 186 soybean germplasms. The coincident rates between the SSR alleles and the resistant presence were 68.9%, 74.3%, 71.1%, 69.8%, 77.4% and 68.2%, respectively; 8 SSR markers, Sat_297, Sat_229, Sat_317, Satt335, Sct_188, Satt160, Satt516 and Sat_133, related to SMV seed coat mottling resistance, were used to identify the 186 soybean germplasms, the coincident rates of Sat_317 alleles with the resistant presence were 79.1%, and that of Sat_229, Satt335, Satt516 and Sat_133 were all over 70%. These markers related to SMV1 resistance were a-

收稿日期: 2009-02-16

修回日期: 2009-05-25

基金项目: 国家重点基础研究发展计划(973 计划)项目(2004CB117203-5); 引进国际先进农业科学技术计划(948 计划)项目(2006-G1(A)); 国家高技术研究发展计划(863 计划)项目(2006AA100104-3); 国家自然科学基金(30871551)

作者简介: 李文福, 在读硕士, 从事大豆抗病遗传育种和分子辅助育种研究

通讯作者: 陈庆山, E-mail: qshchen@sohu.com; 胡国华, E-mail: Hugh757@vip.163.com

available for the marker assisted selection for SMV resistance breeding.

Key words: Soybean mosaic virus; Germplasm resources; Seed coat mottling; Molecular markers; Assisted selection

大豆花叶病毒(soybean mosaic virus, SMV)病是世界性大豆病害,在我国各大豆产区都有发生,严重影响大豆产量和品质。种植抗病品种是控制该病害的最有效措施。我国虽然是大豆的起源地,具有丰富的大豆种质资源,但成株和种粒均抗 SMV 的品种较少,因此迫切需要进行优异抗病资源筛选,以及利用抗病相关分子标记进行辅助选择育种,以加快育种进程,提高育种效率。

目前,国外已经命名了 3 个抗 SMV 的位点,即 *Rsv1*、*Rsv3* 和 *Rsv4*, 其中 *Rsv1* 定位在 F 连锁群上^[1,2], *Rsv3* 定位在 B2 连锁群上^[3], *Rsv4*^[4] 定位在 D1b 连锁群上^[5], 并获得了相关的分子标记。但只有 Yu 等^[1] 利用与 *Rsv1* 连锁的 3 个分子标记(1 个 SSR 标记 HSP176 和 2 个 RFLP 标记 pA186 及 pK644a)对抗源进行标记辅助筛选,鉴定了 67 个大豆栽培品种、育成系及引入品种,从中发现了 SMV 抗性基因来源的线索,通过分子标记对大豆种质所做的分类与依据 *Rsv1* 来源所进行的系谱分析相一致^[2,6]。在国内已筛选出一些与抗花叶病毒基因连锁的分子标记^[7-10], 仅有滕卫丽等^[11] 利用成株抗病相关分子标记进行了辅助选择研究,至今尚无利用种粒斑驳抗病相关分子标记进行辅助选择育种研究的报道,更无利用与种粒斑驳抗病相关以及成株抗病相关分子标记同时进行辅助选择育种研究的报道。

本研究利用 SMV1 接种不同来源的 186 份大豆种质资源,对其种粒和成株抗病性同时进行鉴定;并利用与种粒斑驳抗性成株抗性基因分别连锁的 SSR 标记,进行分子辅助筛选抗病种质,为选育抗病品种奠定基础,旨在减少大豆花叶病毒病对生产造成的经济损失。

1 材料与方 法

1.1 材 料

186 份大豆种质资源均由黑龙江省农垦科研育种中心提供。其中黑龙江省各生态区的品种(系)85 份、其他省的品种(系)94 份和国外引进品种 7 份。

1.2 毒源与接种

毒源为东北 SMV1 号株系,在防虫温室或网室

中的感病品种合丰 25 上培养。186 份大豆品种(系)分别于 2007 年 5 月 1 日和 2008 年 4 月 30 日播种在黑龙江省农垦科研育种中心试验田的防虫网室内,行长 1m,行株距 70cm × 5cm。接种前去除种传病苗,采用汁液摩擦法进行 2 次接种,接种后 15 ~ 30d 每隔 3d 观察 1 次发病情况,待症状稳定后记载供试材料的成株抗病反应类型,秋季收获后对接种植株的子粒进行种粒斑驳抗性鉴定。以合丰 25 作为感病对照品种,目的是检测接种操作和环境条件是否能使感病品种充分发病。

1.3 大豆种质抗性鉴定标准

成株抗性鉴定标准参照濮祖芹等^[12] 的鉴定标准:凡接种后上位叶出现系统花叶或系统坏死症状者,不论是轻花叶、重花叶、皱缩花叶、黄斑叶脉坏死、系统叶脉坏死、系统性坏死斑以及顶枯者均属感病类型;凡接种后不出现症状或只在接种叶形成局部枯斑而上位叶无症状者为抗病类型。

种粒斑驳抗性鉴定标准参照胡国华等^[13] 的鉴定标准:单珠子粒感病轻微,肉眼难以觉察,为抗病类型,其余为感病类型。

1.4 DNA 提取、检测及 SSR 引物

叶片总 DNA 的提取与检测、PCR 反应体系、PCR 扩增条件及聚丙烯酰胺凝胶电泳等参照陈庆山等^[14] 采用的方法。

利用 3C624 × 东农 8143 组合以及 3C628 × 铁 6915 组合筛选出的 6 个与成株抗性相关的 SSR 标记为 Sat_229、Sat_317、Satt335、Satt160、Satt516 与 Sat_309,筛选出的 8 个与种粒斑驳抗性相关的 SSR 标记为 Sat_297、Sat_229、Sat_317、Satt335 与 Sct_188^[10], Satt160、Satt516 与 Sat_133。根据 Soybase(网址 <http://129.186.26.94/>)提供的引物序列,由上海生物工程公司合成,9 对 SSR 引物序列特征见表 1。

1.5 数据统计与分析

根据 SSR 标记的分析结果,比较各品种与抗病亲本(抗病亲本为东农 8143、铁 6915,感病亲本为 3C624、3C628)相应位点的带型,与抗病亲本带型相同的位点基因型记为 1,与感病亲本带型相同的位点基因型记为 2,无带记为 0;将抗性鉴定结果为抗病的基因型记为 1,感病的基因型记为 2,种粒无法鉴定抗感的不参与计算。

表 1 F 连锁群上与成株抗病基因及种粒斑驳抗病基因连锁标记的 SSR 引物序列

Table 1 Primer sequence of SSR markers linked to the adult-plant and seed coat mottling resistant gene on F

引物 Primer	序列 Sequence(5'-3')
Sat_297	F-GCG TGA AAA TAA ATA CAT AGA CAT CCA CCA T R-GCG TTT TAA CAC GCA TCA ACA CTC TTC
Sat_229	F-GCG TGT GCT ACT TCA CAT CTT GAG AGA AAG A R-GCG AGG GTT TAG AAA AAG ATT CAC CAA ATA T
Sat_317	F-GCG ACA GTC CCA ATA CCA TTA ACA AGT R-GCG TCC TTA GGT ACC TAG AAT AAT TCT TCA C
Satt335	F-CAA GCT CAA GCC TCA CAC AT R-TGA CCA GAG TCC AAA GTT CAT C
Sct_188	F-TTC AAC CAT GTC ATA AAA T R-CTC ACT CCT CCA TAA AAA T
Satt160	F-TCC CAC ACA GTT TTC ATA TAA TAT A R-CAT CAA AAG TTT ATA ACG TGT AGA T
Sat_309	F-GCG AAC GGA TAT ATA CCC ATA AAT TTT CAT G R-GCG TCA TCC AAT ATA ACA ATT GTT AAA GTC A
Satt516	F-GCG TTA GCA CTA TTT TTT TAC AAG A R-GCG CCG TTC CTC TTT ACT TTA T
Sat_133	F-GCG CAC ATC TTA ACT CAA ATA ATT GAT AAA G R-GCG TTC AAT TGG ATT TGA TGA AAT TTT AAA T

2 结果与分析

2.1 大豆种质资源的抗 SMV 鉴定

对 186 份大豆种质资源接种 SMV1 株系,其成株和种粒斑驳抗性鉴定结果表明:在成株和种粒均表现抗病的种质 38 份,占 20.4%;成株抗病种质 149 份,占 80.1%;种粒抗病种质 45 份,占 24.2%;成株和种粒双感种质 26 份,占 14.0%;由于种皮为深色或不能正常成熟而无法鉴定种粒斑驳抗性种质 29 份,占 15.6%。其中,在省内参试品种(系)中,有 65 份为成株抗病种质,占省内参试品种(系)的 76.5%;有 12 份为种粒斑驳抗病种质,占 14.1%;有 10 份为双抗种质,占 11.8%,可见黑龙江省抗性

资源尤其是种粒斑驳抗性资源相对较少,急需通过引种或转基因手段来丰富抗源。

2.2 SSR 分子鉴定及与抗病性鉴定的比较

利用 6 个与成株抗性相关的 SSR 标记(Sat_229、Sat_317、Satt335、Satt160、Satt516 与 Sat_309),对 186 份种质资源进行鉴定(图 1,表 2)。鉴定出与抗感亲本有相同的特征谱带的资源分别为 122 份、144 份、152 份、106 份、84 份、110 份。结合对成株抗性的鉴定结果,与抗性鉴定一致的分别为 84 份、107 份、108 份、74 份、65 份、75 份,准确率分别为 68.9%、74.3%、71.1%、69.8%、77.4% 和 68.2%,平均值为 71.6%。

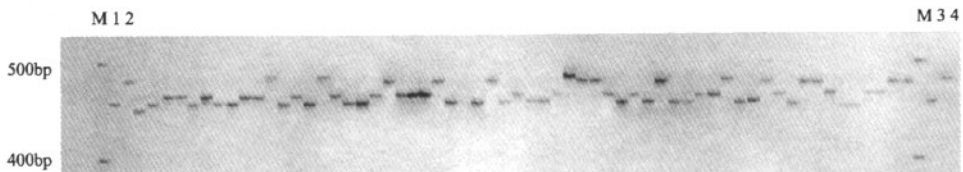


图 1 标记 Satt160 在部分辅助鉴定材料中的多态性表现

Fig.1 The polymorphism of Satt160 in a part of soybean germplasms

M:Marker SM1191;1:铁 6915;2:3C628;3:铁 6915;4:3C628

表 2 6 个 SSR 标记在 186 份种质资源中的多态性表现与成株抗病性鉴定的关系

Table 2 The polymorphism of 6 SSR markers in 186 soybean germplasm and coincident rate with the adult-plant resistant identification

标记 Marker	多态性 条带数 No. of polymorphic bands	3C624 × 东农 8143			标记 Marker	多态性 条带数 No. of polymorphic bands	3C628 × 铁 6915		
		3C624	东农 8143	准确率 (%) Coincident rate			3C628	铁 6915	准确率 (%) Coincident rate
Sat_229	5	55/27	67/57	68.9	Satt160	6	39/15	67/59	69.8
Sat_317	3	66/32	78/75	74.3	Satt516	4	20/17	64/48	77.4
Satt335	3	72/30	80/78	71.1	Sat_309	6	46/19	64/56	68.2
平均	3.7			71.4	平均	5.3			71.8

利用 8 个与种粒斑驳抗性相关的 SSR 标记 (Sat_297、Sat_229、Sat_317、Satt335、Sct_188、Satt160、Satt516 与 Sat_133), 对 157 份种质资源进行鉴定 (图 2, 表 3)。Sat_317 共鉴定出 115 份资源与抗感亲本有相同的特征谱带, 结合对种粒斑驳抗性的鉴定结果, 其中 91 份与抗性鉴定结果相同, 准确率为 79.1%, 标记 Sat_229、Satt335、Satt516 和 Sat_133 的

准确率也均达 70.0% 以上, Sat_297、Sct_188 和 Satt160 的准确率相对较低。8 个标记的平均值达到 70.1%。

上述结果表明, 与抗病相关的 SSR 标记, 对于指导选择在成株与种粒上抗 SMV1 株系的大豆品种具有较高的利用价值。

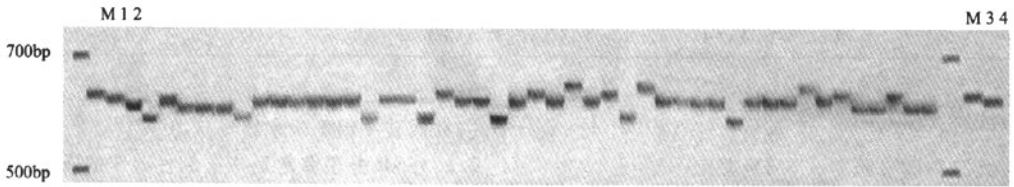


图 2 标记 Sat_229 在部分辅助鉴定材料中的多态性表现

Fig. 2 The polymorphism of Sat_229 in a part of soybean germplasm

M: Marker SM1191; 1: 东农 8143; 2: 3C624; 3: 东农 8143; 4: 3C624

表 3 8 个 SSR 标记在 157 份种质资源中的多态性表现与种粒斑驳抗病性鉴定的关系

Table 3 The polymorphism of 8 SSR markers in 157 soybean germplasm and coincident rate with the seed coat mottling resistant identification

标记 Marker	多态性 条带数 No. of polymorphic bands	3C624 × 东农 8143			标记 Marker	多态性 条带数 No. of polymorphic bands	3C628 × 铁 6915		
		3C624	东农 8143	准确率 (%) Coincident rate			3C628	铁 6915	准确率 (%) Coincident rate
Sat_297	7	23/18	32/16	61.8	Satt160	6	29/22	49/23	57.7
Sat_229	5	52/49	55/34	77.6	Satt516	4	19/16	52/37	74.6
Sat_317	3	59/55	56/36	79.1	Sat_133	4	67/53	27/16	73.4
Satt335	3	68/61	62/39	76.9					
Sct_188	2	56/49	78/31	59.7					
平均	4			71.0	平均	4.7			68.6

3 讨论

本试验用 SMV1 株系接种,对 186 份大豆种质资源的成株和种粒斑驳抗性进行鉴定。在成株和种粒斑驳抗性上均表现抗病的种质 38 份,占 20.4%;其中黑龙江省参试品种(系)中有 10 份为双抗种质,占 11.8%,表现兼抗的资源相对较少。因此应该广泛搜集各地区抗性表现不同的抗病资源,利用分子聚合技术实现基因的累加,从而育成具备完全抗性的品种,同时达到提高大豆产量和品质的目的。

由单基因控制的质量性状标记辅助选择的效果主要取决于分子标记与目的基因间的连锁距离,标记与目的基因的距离越近,同源重组的机会越小,选择的可靠性就越大^[2,6,11,15-16]。本研究利用的与成株抗病基因相关的 6 个 SSR 标记、与种粒斑驳抗病基因相关的 8 个 SSR 标记与抗性基因间遗传距离相对较近。通过对 186 份大豆种质资源进行分析,共检测出 40 个等位变异。分子鉴定结果与抗病性鉴定结果相比较,得出这两类标记的鉴定准确率的平均值均达 70.0% 以上。可见,应用这些分子标记可以提高对成株和种粒上表现抗病的材料选择的可靠性,揭示了在分子水平上直接对目的性状进行选择的可能性^[17]。

对 186 份大豆种质资源接种 SMV1 株系进行成株和种粒斑驳抗性鉴定,获得兼抗成株和种粒斑驳的种质 38 份,其中,省内参试品种(系)中有 10 份为双抗种质。9 个标记中 Sat_229、Sat_317、Satt335、Satt516 和 Sat_133 抗病毒资源筛选的准确率均达 70% 以上,可以用作抗病毒分子辅助育种的选择标记。

致谢:病毒接种、调查及取样过程中得到高运来、蒋洪蔚、李灿东、宋万坤、于妍、孙佳莹、王家麟、齐照明、张大伟、杜升伟、张闻博、姜威、朱命喜、邱鹏程和王晶等同学的帮助;在撰写论文中得到刘航同志的指教和帮助,在此一并表示衷心的感谢。

参考文献

- [1] Yu Y G, Saghai-Maroo M A, Buss G R, et al. RFLP and microsatellite mapping of a gene for soybean mosaic virus resistance[J]. *Phytopathology*, 1994, 84(1): 60-64
- [2] Yu Y G, Buss G R, Saghai-Maroo M A. Isolation of a superfamily of candidate disease-resistance genes in soybean based on a conserved nucleotide-binding site[J]. *PNAS*, 1996, 93(21): 11751-11756
- [3] Jeong S C, Kristipati S, Hayes A J, et al. Genetic and sequence analysis of markers tightly linked to the soybean mosaic virus resistance gene, *Rsv3*[J]. *Crop Sci*, 2002, 42: 265-270
- [4] Buss G R, Ma G, Chen P, et al. Registration of V94-5152 soybean germplasm resistant to soybean mosaic potyvirus[J]. *Crop Sci*, 1997, 37: 1987-1988
- [5] Hayes A J, Ma G R, 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
- [6] Yu Y G, Saghai-Maroo M A, Buss G R. Divergence and allelomorphic relationship of a soybean virus resistance gene based on tightly linked DNA microsatellite and RFLP markers[J]. *Theor Appl Genet*, 1996, 92: 64-69
- [7] 王永军, 东方阳, 王修强, 等. 大豆 5 个花叶病毒株系抗性基因的定位[J]. *遗传学报*, 2004, 31(1): 87-90
- [8] 滕卫丽, 李文滨, 邱丽娟, 等. 大豆 SMV3 号株系抗病基因的 SSR 标记[J]. *大豆科学*, 2006, 26(3): 244-249
- [9] Fu S X, Zhan Y, Zhi H J, et al. Mapping of SMV resistance gene *Rsv-7* by SSR markers in soybean[J]. *Genetica*, 2006, 128: 63-69
- [10] 李文福, 刘春燕, 高运来, 等. 大豆种粒斑驳抗性的遗传分析及基因定位[J]. *作物学报*, 2008, 34(9): 1544-1548
- [11] 滕卫丽, 李文滨, 韩英鹏, 等. 大豆种质对 SMV 抗性鉴定的 SSR 辅助选择[J]. *中国油料作物学报*, 2008, 30(2): 224-228
- [12] 濮祖芹, 曹琦, 薛宝娣, 等. 大豆品种(品系)对大豆花叶病毒六个株系的抗性反应[J]. *南京农学院学报*, 1983(3): 41-45
- [13] 胡国华, 高凤兰, 吴宗璞. 抗大豆种粒斑驳连锁遗传的研究[J]. *作物学报*, 1996, 22(5): 555-559
- [14] 陈庆山, 张忠臣, 刘春燕, 等. 大豆主要农艺性状的 QTL 分析[J]. *中国农业科学*, 2007, 40(1): 41-47
- [15] 刘秋华, 陆作楣. 水稻农林 8 号 m 苯达松敏感致死基因的初步定位[J]. *南京农业大学学报*, 2004, 27(4): 17-19
- [16] Jeong S C, Saghai-Maroo M A. Detection and genotyping of SNPs tightly linked to two disease resistance loci, *Rsv1* and *Rsv3*, of soybean[J]. *Plant Breeding*, 2004, 123: 305-310
- [17] Tanksley S D, Nelson J C. Advanced backcross QTL analysis: a method for the simultaneous discovery and transfer of valuable QTLs from unadapted germplasm into elite breeding lines[J]. *Theor Appl Genet*, 1996, 92: 191-203

大豆种质对SMV成株和种粒斑驳抗性的SSR标记辅助鉴定

作者: [李文福](#), [朱晓双](#), [王晓锋](#), [王堃](#), [刘春燕](#), [陈庆山](#), [胡国华](#), [LI Wen-fu](#), [ZHU Xiao-shuang](#), [WANG Xiao-fong](#), [WANG Kun](#), [LIU Chun-yan](#), [CHEN Qing-shan](#), [HU Guo-hua](#)

作者单位: [李文福](#), [朱晓双](#), [王堃](#), [刘春燕](#), [陈庆山](#), [LI Wen-fu](#), [ZHU Xiao-shuang](#), [WANG Kun](#), [LIU Chun-yan](#), [CHEN Qing-shan](#) (黑龙江省农垦科研育种中心, 哈尔滨, 150090; 东北农业大学农学院, 哈尔滨, 150030), [王晓锋](#), [WANG Xiao-fong](#) (黑龙江省建三江农业科学研究所, 富锦, 156300), [胡国华](#), [HU Guo-hua](#) (黑龙江省农垦科研育种中心, 哈尔滨, 150090; 国家大豆工程技术研究中心, 哈尔滨, 150050)

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(17条)

- [Fu S X;Zhan Y;Zhi H J Mapping of SMV resistance gene Rsv-7 by SSR markers in soybean](#) 2006
- [滕卫丽;李文滨;邱丽娟 大豆SMV3号株系抗病基因的SSR标记](#)[期刊论文]-[大豆科学](#) 2006(03)
- [王永军;东方阳;王修强 大豆5个花叶病毒株系抗性基因的定位](#)[期刊论文]-[遗传学报](#) 2004(01)
- [Yu Y G;Saghai-Maroo M A;Buss G R Divergence and allelomorph relationship of a soybean virus resistance gene based on tightly linked DNA microsatellite and RFLP markers](#)[外文期刊] 1996
- [Hayes A J;Ma G R;Buss G R Molecular marker mapping of Rsv4, a gene conferring resistance to all known strains of soybean mosaic virus](#) 2000
- [Tanksley S D;Nelson J C Advanced backcross QrL analysis:a method for the simultaneous discovery and transfer of valuable QTLs from unadapted germplasm into elite breeding lines](#)[外文期刊] 1996
- [Jeong S C;Saghai-Maroo M A Detection and genotyping of SNPs tightly linked to two disease resistance loci, Rsv1 and Rsv3, of soybean](#) 2004
- [刘秋华;陆作楣 水稻农林8号m苯达松敏感致死基因的初步定位](#)[期刊论文]-[南京农业大学学报](#) 2004(04)
- [陈庆山;张忠臣;刘春燕 大豆主要农艺性状的QTL分析](#)[期刊论文]-[中国农业科学](#) 2007(01)
- [胡同华;高凤兰;吴宗璞 抗大豆种粒斑驳连锁遗传的研究](#)[期刊论文]-[作物学报](#) 1996(05)
- [濮祖芹;曹琦;薛宝娣 大豆品种, \(品系\)对大豆花叶病毒六个株系的抗性反应](#) 1983(03)
- [滕卫丽;李文滨;韩英鹏 大豆种质对SMV抗性鉴定的SSB辅助选择](#)[期刊论文]-[中国油料作物学报](#) 2008(02)
- [李文福;刘春燕;高远来 大豆种粒斑驳抗性的遗传分析及基因定位](#)[期刊论文]-[作物学报](#) 2008(09)
- [Buss G R;Ma G;Chen P Registration of V94-5152 soybean germplasm resistant to soybean mosaic potyvirus](#)[外文期刊] 1997(6)
- [Jeong S C;Kristipati S;Hayes A J Genetic and sequence analysis of markers tightly linked to the soybean mosaic virus resistance gene, Rsv3](#) 2002
- [Yu Y G;Buss G R;Saghai-Maroo M A Isolation of a superfamily of candidate disease-resistance genes in soybean based on a conserved nucleotide-binding site](#)[外文期刊] 1996(21)
- [Yu Y G;Saghai-Maroo M A;Buss G R RFLP and microsatellite mapping of a gene for soybean mosaic virus resistance](#) 1994(01)

引证文献(1条)

- [滕卫丽, 卢双勇, 高阳, 孙明明, 韩英鹏, 李文滨, 朱聃, 程章, 胡海波, 邱丽娟, 关荣霞, 王春英 不同省份大豆新品种](#)

(系)对东北大豆强弱花叶病毒株系的抗性鉴定[期刊论文]-东北农业大学学报 2011(10)

本文链接: http://d.g.wanfangdata.com.cn/Periodical_zwyczyxb201002021.aspx