
东北地理所等在大豆对孢囊线虫超亲遗传抗性研究中获进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/13530.html>

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

大豆孢囊线虫病是制约大豆生产的全球性病害之一。大豆孢囊线虫的抗性由多基因和数量性状控制。大多数研究是基于高抗和高感品种杂交形成的遗传分离群体，存在高抗基因时，微效基因时常被掩盖而不能被有效检测，但后代对线虫的表型反应相对于亲本显现为广泛的变异。此外，当前对大豆孢囊线虫的抗性评价是建立在每株孢囊数与已知感病品种比较所得的雌虫指数，然而在研究中发现由于根重大小不一样，特别是野生品种，仅局限于每株孢囊数的抗性评价对育种有一定的局限性。中国科学院东北地理与农业生态研究所农田有害生物控制学科组研究员王从丽团队和东北农业大学教授陈庆山团队合作，首次利用大豆染色体代换系（CSSLs）群体展开了对大豆孢囊线虫超亲遗传抗性的研究。

CSSLs是通过供体亲本多次反复与轮回亲本回交，然后经基因组标记辅助选择后自交获得的群体，染色体片段的代换能够通过表型的检测准确定位与性状是否相关。因此，通过表型筛选CSSLs可有效识别并鉴定微效或主效QTLs。该研究采用的CSSLs群体是利用野生大豆ZYD00006为供体亲本，黑龙江省当地的主栽品种绥农14为回交亲本的背景，这是我国东北目前唯一的一个大豆代换系群体，同时这两个亲本的根重差异较大，因此，是用来评价每克根重孢囊数的理想群体。该研究通过对162个代换系群体进行表型筛选和高通量测序，首次报道了大豆孢囊线虫每克根孢囊数（CGR）的QTL定位，也是首次利用CSSLs来评估大豆孢囊线虫雌虫指数FI和CGR的报道。表型鉴定发现，代换系的FI和CGR分布范围广，有超亲后代（图1）；FI和CGR的相关性低，CGR和根重的相关性高于FI和根重

的关系。利用单因素标记Kruskal-Wallis（ K

*) 分析 ($P < 0.005$) 及多因子MQM定位方法 ($LOD > 2$)，研究人员总共得到了38个QTLs（图2），其分布覆盖了大豆的20条染色体，这些QTLs具有较强的加性效应，解释了SCN5.6-15.5%的FI表型贡献率和6.1-36.2%的CGR表型贡献率，其中，有25个QTLs抗性来自ZYD00006，13个QTLs来自绥农14，表明感病的双亲对超亲遗传均有贡献，同时间接解释了SCN抗性的复杂性及其与目前

*rhgI*和*Rhg4*

)的情况下，综合考虑FI、CGR及根重三者有利基因的组合可有效抑制线虫繁殖，这对高效育种具有重要的指导意义；对SCN有耐性并适合于东北种植的具有绥农背景的代换系株系具有潜在的应用价值。

相关研究成果以 *Transgressive resistance to Heterodera glycines in chromosome segment substitution lines*

derived from susceptible soybean parents为题，发表在 *Plant Genome* 上。博士研究生黄铭慧为论文第一作者，王从丽和陈庆山为论文的共同通讯作者。研究工作得到国家自然科学基金、黑龙江省重点基金和百千万工程的资助。

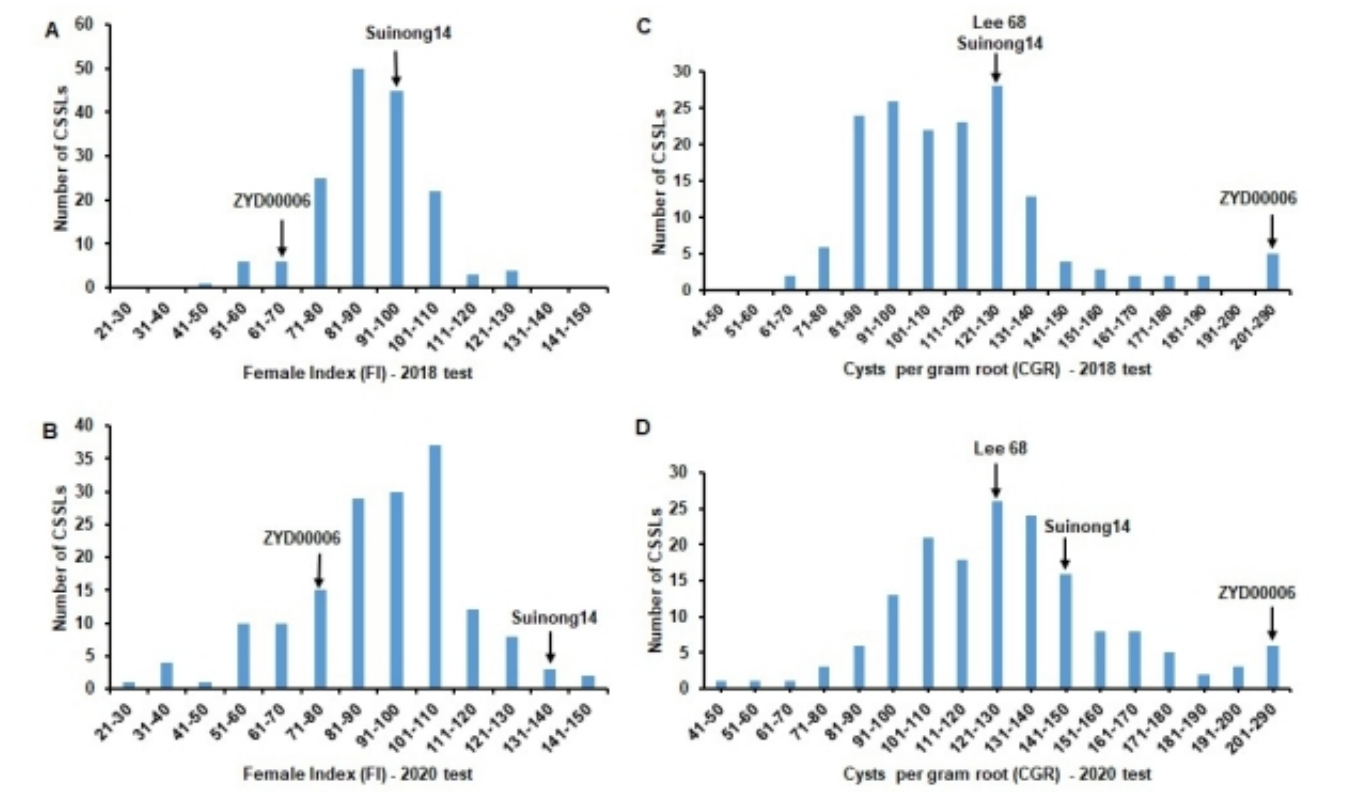


图1.大豆孢囊线虫雌虫指数FI和每克根孢囊数CGR在大豆代换系群体中的表型分布（2018和2020试验）

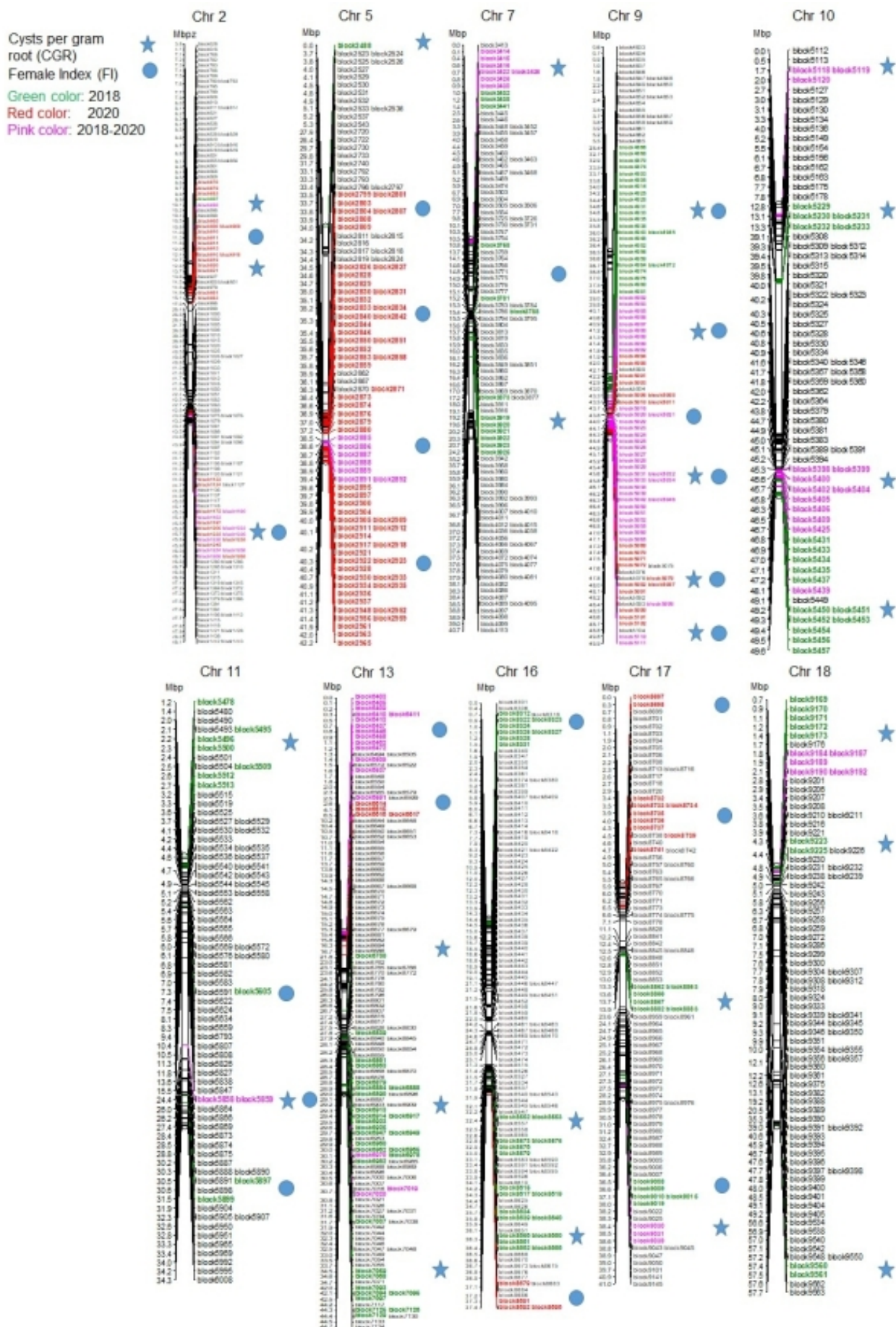


图2.与大豆孢囊线虫雌虫指数FI和每克根孢囊数CGR相关的QTLs在染色体上的位置（物理图谱）

研究团队单位：东北地理与农业生态研究所

更多 科学进展 请访问 <https://www.iikx.com/news/progress/>

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](https://www.iikx.com)转发