

DOI: 10.3724/SP.J.1006.2012.02206

利用与大豆灰斑病抗性基因连锁的 SSR 标记构建大豆品种(系)的分子身份证

丁俊杰¹ 姜翠兰² 顾鑫¹ 杨晓贺¹ 赵海红¹ 申宏波¹ 仕相林⁴
刘春燕³ 胡国华^{3,*} 陈庆山^{4,*}

¹ 黑龙江省农业科学院佳木斯分院 / 农业部佳木斯作物有害生物科学观测实验站, 黑龙江佳木斯 154007; ² 黑龙江农垦科学院农作物开发研究所, 黑龙江佳木斯 154007; ³ 黑龙江农垦科研育种中心, 黑龙江哈尔滨 150030; ⁴ 东北农业大学农学院, 黑龙江哈尔滨 150030

摘要: 以黑龙江省 29 个大豆育种单位的 103 份已鉴定大豆灰斑病 3 个生理小种抗性的大豆品种(系)为材料, 选择与大豆灰斑病抗病基因连锁的 19 个 SSR 标记检测, 获得等位变异数 86 个, 每个标记检测到的等位变异数分布在 2~6 个之间, 平均为 4.4 个。应用遗传统计软件(Genetics Statistics 3.0)分析表明, 标记的多样性指数介于 0.198~0.751 之间, 平均多样性指数为 0.606。品种(系)特异指数差异较大, 介于 46.592~481.541 之间, 平均为 87.415。根据标记的等位基因数, 使用 ID Analysis 1.0 软件分析表明, 利用与大豆灰斑病基因连锁的 7 个 SSR 标记(Satt565、Satt547、Satt431、Sct_186、SOYGPATR、Satt244、Sat_151)就能有效区分各品种(系), 因此利用这 7 个标记构建了供试品种(系)的分子身份证。

关键词: 大豆灰斑病; 生理小种; SSR; 分子身份证

Establishment of Molecular ID of Soybean Varieties (Lines) Using SSR Markers Linked to Resistance Genes against *Cercospora soja*

DING Jun-Jie¹, JIANG Cui-Lan², GU Xin¹, YANG Xiao-He¹, ZHAO Hai-Hong¹, SHEN Hong-Bo¹, SHI Xiang-Lin⁴, LIU Chun-Yan³, HU Guo-Hua^{3,*}, and CHEN Qing-Shan^{4,*}

¹ Jiamusi Branch of Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences / Observation and Experiment Station of Crop Pests of Jiamusi, Ministry of Agriculture, Jiamusi 154007, China; ² Institute of Crop Development, Heilongjiang Academy of Land Reclamation Science, Jiamusi 154007, China; ³ Land Reclamation Research & Breeding Centre of Heilongjiang, Harbin 150090, China; ⁴ College of Agriculture, Northeast Agricultural University, Harbin 150030, China

Abstract: One hundred and three soybean varieties (lines) developed by 29 breeding units from six accumulated temperature zones in Heilongjiang were investigated. The resistances of 103 soybean varieties (lines) were identified with three races of *Cercospora soja*. Eighty-six polymorphic alleles were detected with 19 SSR markers, for each primer, two to six allele variations were detected in all varieties (lines), with an average of 4.42. The diversity index of the 19 SSR loci ranged from 0.198 to 0.751 with an average of 0.606. The results of calculating specific index and genetic similarity among varieties (lines) showed that specific index of varieties (lines) ranged from 46.592 to 481.541, and the average was 87.415. According to fragment size of allele variation, the data calculated from the PAGE bands were analyzed by the software ID Analysis 1.0. Seven markers (Satt565, Satt547, Satt431, Sct_186, SOYGPATR, Satt244, and Sat_151) linked to the gene controlling resistance to *Cercospora soja* were used to identify all 103 soybean lines, so that a set of molecular ID of soybean varieties (lines) was established.

Keywords: Soybean frogeye leaf spot; Physiological race; SSR; Molecular ID

栽培大豆起源于中国, 随着近年来我国大豆品种育成数目的增多, 准确地鉴别大豆品种的遗传特异性显得尤为重要。近年来, 随着分子生物学的不

断发展, 分子标记技术从 DNA 出发, 不受环境条件的影响, 多态性的标记可以反映 DNA 水平上生物个体间的遗传差异, 因此可从分子水平上对品种的

本研究由黑龙江省自然科学基金项目(C200936), 国家公益性行业(农业)科研专项(201103016-03A2)和国家现代农业产业技术体系建设佳木斯综合试验站项目资助。

* 通讯作者(Corresponding authors): 胡国华, E-mail: hugh757@vip.163.com; 陈庆山, E-mail: qshchen@sohu.com

第一作者联系方式: E-mail: me999@126.com

Received(收稿日期): 2012-02-22; Accepted(接受日期): 2012-08-05; Published online(网络出版日期): 2012-10-08.

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.1809.S.20121008.1301.018.html>

遗传特异性进行快速、准确的鉴定,克服了传统形态标记鉴定周期长、误差大、性状差异小的缺点。作为一种高多态性的分子标记,SSR 越来越多地应用于各物种起源的分析^[1-3]。在水稻^[4]、甜高粱^[5]、玉米^[6-7]、油菜^[8]、木薯^[9-10]、甘蔗^[11]和小麦^[12]等多种作物中进行了品种及种质资源的指纹图谱、分子身份证等方面的研究。王黎明等^[5]用 41 对 SSR 引物对国内外 142 份甜高粱种质资源构建了分子身份证。郑海燕等^[13]利用 19 个 ISSR 标记和 20 个 RAPD 标记对来源于不同国家和地区的 51 份红麻栽培种、野生种和近缘种进行遗传分析,构建了红麻种质资源分子身份证。对大豆品种资源,高运来等^[14]利用 43 对 SSR 引物对黑龙江省 6 个积温带的 83 个大豆品种构建了分子身份证。李英慧^[15]利用 59 对 SSR 引物分析了 1 863 份大豆地方品种。秦君等^[16]利用系谱追踪与 SSR 标记分析了中国大豆品种绥农 14 和合丰 25 的遗传组成。胡根海等^[17]利用 47 对 SSR 引物对中国 56 份高油栽培大豆的遗传多样性进行了分析。

大豆灰斑病是由大豆尾孢菌(*Cercospora sojina* Hara)引起的真菌性病害,是世界上大豆生产国普遍存在的一种大豆病害,其致病菌具有非常明显的生理分化现象和高度变异性。大豆对灰斑病菌生理小种的抗性是单基因控制的显性性状,美国已经鉴定出 3 个显性基因 *Rcs1*、*Rcs2* 和 *Rcs3*, 分别控制大豆对美国灰斑病菌生理小种 1 号、2 号和 5 号的抗性^[18-20],我国也已鉴定出 *Hrcs1*、*Hrcs7* 和 *Rcs15* 分别控制大豆对生理小种 1 号、7 号和 15 号的抗性^[21-23]。董伟等^[24]利用杂交组合东农 91212 (感 7 号小种)×东农 9674 (抗所有小种)的 F_2 代群体筛选出 RAPD 共显性分子标记 OPS03₆₂₀ 和 OPS03₅₈₀, 其中 OPS03₆₂₀ 大豆对与大豆灰斑病菌 7 号生理小种的抗病基因的遗传距离为 8.7 cM。董伟等^[25]利用东农 9674 (抗)×东农 87-104 (感)的 F_2 代群体筛选出 3 个 RAPD 引物,与抗病基因 *Rf₁* 的遗传距离为 OPK03₈₄₀-10.4 cM-*Rf₁*-13.8 cM-OPM171₇₀₀-26.1 cM-OP010₉₅₀。张文慧等^[26]利用东农 40566 (抗)×东农 410 (感)的 F_2 代群体筛选出 Satt565、SOYGPATR 和 Satt396 3 对 SSR 引物,标记与 1 号生理小种抗性基因的连锁顺序和遗传距离为 Satt565-12.7 cM-SOYGATR-6.5 cM-*Hrcs1*-14.7 cM-Satt396。Mian 等^[27]利用 Blackhawk (感)×Davis (抗)的 F_2 代群体对美国大豆灰斑病菌 5 号生理小种的抗病基因 *Rcs3* 进行了定位,基因与标记的遗传

距离为 Satt244-0 cM-*Rcs3*-1.5 cM-Satt547。姜翠兰等^[21]利用垦丰 16 (抗)×绥农 10 (感)的 F_2 、 F_3 代群体筛选出 5 个与抗病基因 *Rcs15* 紧密连锁的 SSR 标记,基因与标记的遗传距离为 Sat₁₅₁-10.7 cM-Satt529-18.5 cM-*Rcs15*-6.7 cM-Satt547-7.8 cM-Sat₂₂₄-10.7 cM-Satt431。

分子身份证是在指纹图谱的基础上发展起来的一种新的电泳图谱,与指纹图谱的区别在于分子身份证把品种特征数字化后,采用资源特征分析软件分析得出字符串形式的结果,这种结果可以简单明确地区分品种间的差异。分子身份证既能够鉴别生物个体之间的差异,又能对生物个体的特征进行鉴定,易于存档记录和分析比较。分子身份证的研究多应用在资源的遗传多样性分析中,但还没有用于对大豆抗病特征的相关研究。本文对大豆 20 个连锁群上与灰斑病抗病基因连锁的 26 个 SSR 标记进行筛选,最终选用与大豆灰斑病抗病基因连锁的 7 个 SSR 标记对 103 份大豆品种(系)(已鉴定对大豆灰斑病菌 3 个生理小种抗性)进行扩增,通过遗传聚类分析和等位基因计算,最后构建了大豆品种(系)分子身份证。该研究可以很好地了解品种(系)间遗传差异,为品种(系)的合理搭配种植、杂交育种的亲本选配提供重要参考依据。建立不同大豆灰斑病生理小种抗性品种(系)的分子身份证,为科学鉴定、培育新的抗病品种(系)提供参考依据。

1 材料与方法

1.1 植物材料及供试引物

103 份大豆品种(系)来源于黑龙江省 29 个大豆育种单位,采用单个小种接种,鉴定其对中国大豆灰斑病菌 1 号小种、15 号小种和美国大豆灰斑病菌 5 号小种的抗病性(表 3)。对中国大豆灰斑病菌 1 号小种抗病和感病的品种(系)分别为 45 份和 58 份,对中国大豆灰斑病菌 15 号小种抗病和感病的品种(系)分别为 57 份和 46 份,对美国大豆灰斑病菌 5 号小种抗病和感病的品种(系)分别为 47 份和 56 份。中国 1 号小种抗病对照品种(系)为垦丰 16,感病对照品种(系)为黑河 05-1667;中国 15 号小种和美国 5 号小种抗病对照品种(系)为垦丰 16,感病对照品种(系)为绥农 10。鉴定单位为黑龙江省农业科学院佳木斯分院植物病理研究室。

1.2 DNA 提取及 SSR 标记筛选

采用 SDS 法提取叶片总 DNA。PCR 体系 20 μ L,含 30 ng 总 DNA, 1.5 μ mol L⁻¹ 引物(包括上游引物和

下游引物), 2.5 $\mu\text{mol L}^{-1}$ dNTPs, 2.0 μL 10 \times buffer, 1 U *Taq* 酶, 用超纯水补足 20 μL 。PCR 反应在 T-Gradient 上进行, 扩增条件为 95 $^{\circ}\text{C}$ 预变性 5 min; 94 $^{\circ}\text{C}$ 变性 40 s, 47 $^{\circ}\text{C}$ 复性 40 s, 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 40 s, 循环 35 次后 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 5 min; 于 4 $^{\circ}\text{C}$ 下保存。聚丙烯酰胺凝胶电泳及银染等参照陈庆山等^[28]的方法。从大豆 20 个连锁群上与灰斑病抗病基因连锁的 26 个 SSR 标记中, 筛选出 19 个扩增稳定、多态性高的标记引物, 对所有供试品种(系)进行 PCR 扩增。根据 SoyBase (<http://soybase.org/>)提供的 SSR 标记引物序列, 由生工生物工程(上海)有限公司合成。

1.3 数据统计分析

根据扩增片段的大小(图 1), 对应的分子量从大到小从阿拉伯数字的 1 开始记录, 依次为 1、2、3、4、……、*n*, 统计数据。0 表示零等位基因(即该泳道由于基因片段丢失而无带), -1 表示该品种(系)数据由于实验操作造成缺失, -2 表示该泳道出现杂合带型。运用统计学原理进行分析计算。

采用东北农业大学开发的遗传统计分析软件 (Genetics Statistics 3.0)分析品种(系)特异性指数、引物多样性指数和多态信息含量。利用东北农业大学开发的资源特征分析软件 ID Analysis 1.0^[29]建立品种(系)分子身份证。

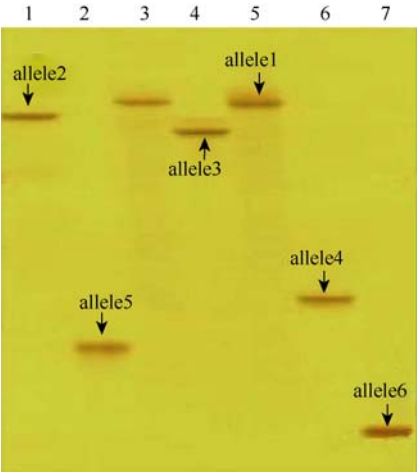


图 1 标记 Satt431 等位基因特征
Fig. 1 Alleles feature of marker Satt431

2 结果与分析

2.1 引物筛选

筛选出的 19 对扩增稳定、多态性高的标记引物能对所有品种(系)进行 PCR 扩增(表 1)。这些标记分布在大豆的 J、C、O、G、I、C1 和 B1 连锁群上。

表 1 标记引物扩增等位基因数及多样性指数
Table 1 Allele number, linkage group and diversity index of marker primers

| 标记名称 Marker | 连锁群 Linkage group | 等位基因数 Number of alleles | 多样性指数 Diversity index |
|----------------|----------------------|----------------------------|--------------------------|
| Satt547 | J | 6 | 0.702 |
| Sat_151 | J | 4 | 0.602 |
| Satt529 | J | 3 | 0.638 |
| Satt431 | J | 6 | 0.562 |
| Satt371 | C2 | 4 | 0.605 |
| Sct_108 | O | 4 | 0.596 |
| Satt303 | G | 6 | 0.557 |
| Satt587 | I | 2 | 0.198 |
| SOYGPATR | C1 | 5 | 0.725 |
| Satt244 | J | 5 | 0.727 |
| Satt453 | B1 | 4 | 0.520 |
| Sat_186 | C1 | 5 | 0.675 |
| Sat_224 | J | 5 | 0.672 |
| Satt565 | C1 | 6 | 0.751 |
| Sct_189 | I | 4 | 0.588 |
| SOYPRP1 | K | 4 | 0.529 |
| Satt199 | G | 3 | 0.613 |
| Satt239 | I | 4 | 0.617 |
| Satt247 | K | 4 | 0.633 |
| 平均 Mean | | 4.4 | 0.606 |

2.2 标记的等位基因信息分析

103 份品种(系)中, 检测到多态性片段 86 个, 每个标记检测到的等位基因数目在 2~6 个之间, 平均为 4.4 个(表 2)。其中等位基因数大于平均数的标记为 Satt547、Satt431、Satt303、SOYGPATR、Satt565、Sct_186、Sat_224 和 Satt244。应用遗传统计软件分析表明, 标记的多样性指数介于 0.198~0.751 之间, 平均多样性指数为 0.606, 其中 Satt244 多样性指数最高, 表明它区分品种(系)的能力最强。多样性指数大于平均数的标记为 Satt547、Satt529、SOYGPATR、Satt565、Sct_186、Sat_224、Satt244、Satt119、Satt239 和 Satt543。在这两类指数大于平均数的标记中, 共同出现的标记有 6 个, 标记的等位变异数越多, 其多样性指数就越高。说明标记的等位变异数和引物的多样性指数在总体上是一致的。图 2 为标记 Sat_151 的引物对部分大豆品种(系)的扩增结果, 共有 4 个等位基因。

2.3 分子身份证的构建

分子身份证分为两类, 一类是含有特异等位变异的品种(系)(表 2), 如高抗品种(系)垦 05-2782 具有

表 2 含有特异等位基因的大豆品种(系)
Table 2 Soybean varieties (lines) carrying specific alleles

| 大豆品种(系) Variety (line) | 标记 Marker | 特异等位基因数 Number of specific alleles |
|---------------------------|--------------|--|
| 龙江绿小豆 Longjiangluxiaodou | Satt303 | 5 |
| | Sct_189 | 2 |
| 农大 25794 Nongda 25794 | SOYGPATR | 5 |
| 疆丰 6162 Jiangfeng 6162 | Satt371 | 4 |
| | Satt587 | 3 |
| 垦 05-2782 Ken 05-2782 | Satt453 | 5 |
| 益春 05-187 Yichun 05-187 | Sat_224 | 6 |
| 克交 02-7741 Kejiao 02-7741 | Satt244 | 6 |

标记 Satt453 的第 5 个特异等位基因; 高抗品种(系)农大 25794 具有标记 SOYGPATR 的第 5 个特异等位基因; 感病品种(系)疆丰 6162 具有标记 Satt371 的第 4 个等位基因和标记 Satt587 的第 3 个等位基因, 可以通过这些特异等位基因直接鉴定品种(系)的抗感性。由于具有特异等位基因的品种(系)较少, 因此对于更多品种(系)只能采用另一种方法, 即以多个标记的等位基因组合来鉴定其抗感性。如采用 2 个以上标记组合的特异等位基因来区分大豆品种(系), 当 2 个标记不能完全区分所有品种(系)抗感性时, 则通过增加标记数的方法来区分品种(系)抗感性, 直到把所有品种(系)区分开为止。即第 n 个标记的带型结果对应分子身份证的第 n 位, 如绥农 10 的分子身份证为 3655451, 它表示在一定的标记顺序下第 1 个标记的第 3 个等位基因、第 2 个标记的第 6 个等位基因, 依此类推, 到第 7 个标记的第 1 个等位基因为止, 由这些标记等位基因所组合的字符串就可以代表相应品种(系)的分子身份证, 代表标记的引物扩增等位基因片段的大小。

103 份大豆品种(系)分别用 19 个 SSR 标记的引

物扩增后, 用数字依次记录其等位基因。应用遗传统计软件分析获得品种(系)的特异性指数。由表 3 可以看出, 品种(系)特异指数介于 46.592~481.541 之间, 平均为 87.415。疆丰 6162 的特异指数最高, 谷豆 9903 特异指数最低。品种(系)特异指数越高表示该品种(系)在检测的位点中含有的特异等位基因数目越多。

筛选出 7 个多态性和特异性比较好的标记用于不同品种(系)分子身份证的构建。统计结果合并后, 构建了品种(系)的分子身份证(附表), 扩增照片见图 3。分子身份证的结果在一些品种(系)表现的值显示比较大的差别。尤其是对同一生理小种抗感性不同的品种(系), 彼此之间的身份证有很大的差别。同时也有一些品种(系)之间的身份证值显示比较小的差异, 仅有 1~2 个号码的差别。

与中国 1 号小种抗性相关的标记为 Satt565、Sct_186、SOYGPATR, 与中国 15 号小种抗性相关的标记为 Satt547、Satt431、Sat_151; 与美国 5 号小种抗性相关的标记为 Satt244。

中国 1 号小种抗病对照品种(系)为垦丰 16, 感病对照为黑河 05-1667; 中国 15 号小种和美国 5 号小种抗病对照为垦丰 16, 感病对照为绥农 10 (表 3)。各供试品种(系)的分子身份证可以体现其抗、感性。如绥 05-6022 的分子身份证为 3434152, 表明其标记 Satt565 引物扩增带型为 3, Satt547 扩增带型为 4, Satt431 扩增带型为 3, Sct_186 扩增带型为 4, SOYPATR 扩增带型为 1, Satt244 扩增带型为 5, Sat_151 扩增带型为 2, 参照表 3 可知该品种(系)抗中国 1 号和 3 号小种, 感美国 5 号小种, 该结果与田间生理小种接种抗病鉴定结果相符。

通过大豆灰斑病品种(系)的分子身份证可以看出, 一些品种(系)的分子身份证很相似, 说明它们的

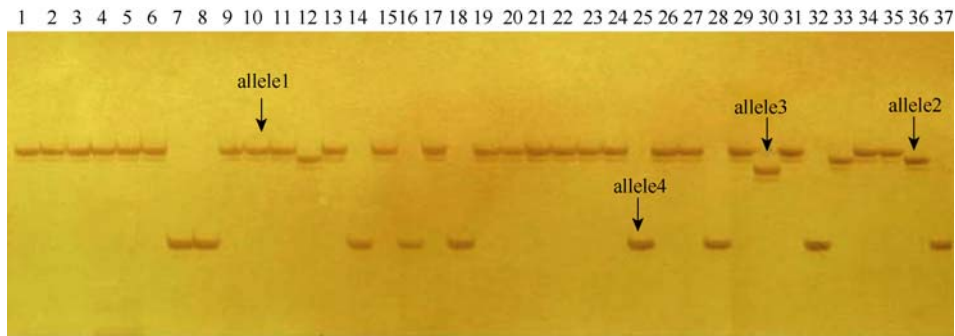


图 2 标记 Sat_151 在部分大豆品种(系)中的等位基因特征
Fig. 2 Bands of alleles in partial soybean varieties (lines) amplified with marker Sat_151

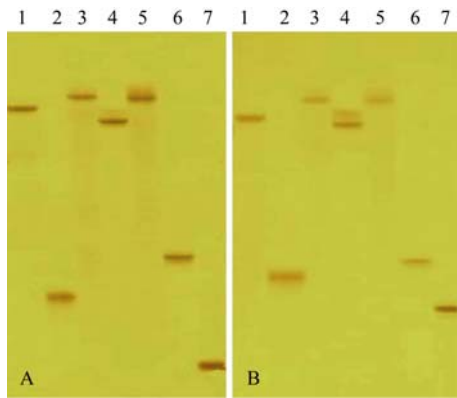


图3 垦丰16 (A)和绥农10 (B)分子身份证特征图
Fig. 3 Molecular ID of Kenfeng 16 (A) and Suinong 10 (B)
1: Satt565; 2: Satt547; 3: Satt431; 4: Sct_186; 5: SOYGPATR;
6: Satt244; 7: Satt151.

亲缘关系很近,可能来自共同或较近的亲本祖先。如品种(系)早03-12的分子身份证为1334253,单小种接种鉴定的对灰斑病抗性表现为感中国1号小种,抗中国15号小种,感美国5号小种;品种(系)黑河03-3603的分子身份证为1334453,单小种接种鉴定的对灰斑病抗性表现为感中国1号小种,抗中国15号小种,抗美国5号小种,它们的分子身份证很相似,对中国1号和15号小种的抗性也相同,通过查询其系谱来源,早03-12具有黑河03-3603的血缘。

2.4 SSR标记的符合率检测

利用筛选到的7个SSR标记的引物对103份大豆品种(系)进行PCR扩增。同一引物均扩增出多个等位基因,将扩增出的带型与对照带型比对显示,该7个标记筛选的准确率都在65%以上(表3)。这7个标记引物相对于不同的生理小种和品种(系)都具有特异的带型,这些带型对于在应用中初步筛选抗感资源具有指导作用。

SSR标记鉴定结果与接种鉴定结果的符合率的计算公式为: 标记的符合率(%)=[(抗病品种(系)中抗亲带型品种(系)数+感病品种(系)中感亲带型品种(系)数)/该标记的引物扩增出的相同特征谱带总数]×100。

3 讨论

3.1 分子身份证编码原则

对于分子身份证编码的方法值得探讨,王静毅等^[30]对香蕉构建的指纹图谱也可认为是一种分子身份证,采用字母加数字的方法表示分子身份证的位数和SSR引物扩增的不同等位基因,例如,将第1个标记的引物扩增的第11个等位基因命名为A11,

这造成了分子身份证的字符串编码位数过多。在本试验中,直接规定了第N个标记引物的扩增结果对应分子身份证的第N位,因此省略对标记名称的表述;同时,由于每个标记的引物扩增的等位基因数值不超过6,因此保证了分子身份证每1位上也只有1位数,书写非常简洁。

3.2 SSR标记区分鉴定品种(系)的可行性

SSR技术由于标记方法本身的特性,其在不同品种间每个特定大小的等位基因序列一致,因此重复性高;同时SSR不需要对模板酶切,操作简单。这些特点使其应用于分子身份证的构建成为可能。根据大麦谱系对亲本及其后代品种中SSR的分析,SSR在不同世代间遗传稳定^[31]。同一品种不同个体SSR的稳定性在水稻中得到证实^[32]。本研究一些来自同一育种单位或源于共同祖先的品种(系)均可被区分,说明我们选用的引物足可以区分亲缘关系很近的不同材料,即利用SSR标记构建大豆分子身份证具有较高的可靠性。

3.3 以用于大豆灰斑病抗性基因连锁的SSR标记构建大豆分子身份证的效果

本研究中各供试品种(系)小种接种鉴定抗性与SSR标记扩增抗感带型不完全一致,符合率在65.31%以上。如黑河03-5086,对灰斑病抗性表现为抗中国1号小种,感中国15号和美国5号小种,从其分子身份证3354351可以看出,其抗中国1号小种,感中国15号和美国5号小种,分子身份证体现的对3个小种的抗感性与小种接种鉴定抗感结果一致,即分子身份证可以体现大豆品种(系)的抗感性。但是也存在分子身份证与生理小种接种鉴定抗性结果不一致的情况,如北育3283,对灰斑病抗性表现为感中国1号和15号小种,抗美国5号小种,从其分子身份证为3634341可以看出其抗中国1号小种,第2序位号6和第7序位号1为感中国15号小种,而第3序位号3为抗中国15号小种,对美国5号小种的抗性无法从身份证上体现出来。这说明分子身份证未能完全体现品种(系)对各生理小种的抗感性,造成这种结果的原因可能有许多,如多个品种(系)可能具有同一个抗性基因,而身份证号是唯一的,另外生理小种接种鉴定也受一定的环境条件和人工判断影响而产生误差。

3.4 分子身份证准确性与灰斑病抗性的关系

研究结果发现,与大豆抗灰斑病相关的标记只存在于少数几个连锁群上。这个现象可能是因为大

表 3 分子标记在对照抗、感品种(系)中的扩增带型及 SSR 标记结果与生理小种接种鉴定结果符合率
Table 3 Banding patterns in resistant and susceptible control of markers and coincidence rate between results using SSR marker and inoculation identification

| 标记 Marker | 抗病带型 Banding patterns in resistant control | 感病带型 Banding patterns in susceptible control | 等位基因数 Number of alleles | 抗病品种(系) Resistant varieties (lines) | | 感病品种(系) Susceptible varieties (lines) | | 相同特征谱带总数 Total of the same banding patterns | 符合率 Coincid- ence rate (%) |
|------------------------------|--|--|-------------------------------|--|--|--|--|---|-------------------------------------|
| | | | | 抗病带型品种(系)数 No. of lines with the same banding patterns to resistant control | 感病带型品种(系)数 No. of lines with the same banding patterns to susceptible control | R 带型品种(系)数 No. of lines with the same banding patterns to resistant control | S 带型品种(系)数 No. of lines with the same banding patterns to susceptible control | | |
| 中国 1 号小种 Race 1 from China | | | | | | | | | |
| Sct_186 | 2 | 5 | 5 | 10 | 3 | 8 | 12 | 33 | 66.67 |
| SOYG-PATR | 1 | 4 | 5 | 15 | 10 | 8 | 15 | 48 | 62.50 |
| Satt565 | 3 | 1 | 6 | 20 | 3 | 14 | 12 | 49 | 65.31 |
| 中国 15 号小种 Race 15 from China | | | | | | | | | |
| Sat_151 | 2 | 1 | 4 | 36 | 11 | 6 | 24 | 77 | 77.92 |
| Satt547 | 4 | 6 | 6 | 32 | 2 | 6 | 28 | 68 | 88.23 |
| Satt431 | 3 | 5 | 6 | 22 | 10 | 5 | 30 | 67 | 77.61 |
| 美国 5 号小种 Race 5 from USA | | | | | | | | | |
| Satt244 | 1 | 5 | 5 | 17 | 14 | 6 | 28 | 65 | 69.23 |

中国 1 号小种: 45 个抗病品种(系), 58 个感病品种(系); 中国 15 号小种: 57 个抗病品种(系), 46 个感病品种(系); 美国 5 号小种: 47 个抗病品种(系), 56 个感病品种(系)。
Race 1 from China: 45 resistant varieties (lines), 58 susceptible varieties (lines); Race 15 from China: 57 resistant varieties (lines), 46 susceptible varieties (lines); Race 3 from USA: 47 resistant varieties (lines), 56 susceptible varieties (lines).

豆抗灰斑病的基因大都集中在这几个连锁群上的原因。一般来讲,大豆分子身份证的构建应该在不同连锁群上随机均匀地挑选多态性的引物。这样对于身份证的准确性和后续身份证数据库的扩容都具有重要意义。但是由于本实验是针对大豆灰斑病的抗感性建立的分子身份证,所以选择和灰斑病有较高相关的标记,才具有实际的指导意义。从19个标记中筛选出来的7个标记,可以完全将所使用的品种(系)分开。这表明可以使用最小数量的标记来区分相对庞大的遗传多样性。在分子身份证确定的情况下,比较不同品种(系)之间的相似程度,可以初步判定其对不同灰斑病生理小种的抗感性。

4 结论

通过 SSR 标记筛选,用于大豆抗灰斑病基因连锁的19个 SSR 标记对供试的103份大豆品种(系)进行扩增,仅用7个标记(Satt565、Satt547、Satt431、Sct_186、SOYGPATR、Satt244和Sat_151)就能有效区分各品种(系),据此构建了一套大豆分子身份证。

References

- [1] Grassi F, Labra M, Imazio S, Spada A, Sgorbati S. Evidence of a secondary grapevine domestication centre detected by SSR analysis. *Theor Appl Genet*, 2003, 107: 1315–1320
- [2] Matus I A, Hayes P M. Genetic diversity in three groups of barley germplasm assessed by simple sequence repeats. *Genome*, 2002, 45: 1095–1106
- [3] Anthony F, Combes M, Astorga C, Bertrand B, Graziosi G. The origin of cultivated *Coffea arabica* L. varieties revealed by AFLP and SSR markers. *Theor Appl Genet*, 2002, 104: 894–900
- [4] Wu W(武文), Deng Q-Y(邓启云), Zhou L-J(周丽洁), Zhu X-Q(朱校奇), Chen C-G(陈春光), Zhuang W(庄文), Jin D-M(金德敏), Wang B(王斌). Establishment of DNA fingerprinting with SSR for Y58S and some other elite parents of two-line hybrid rice. *Hybrid Rice* (杂交水稻), 2008, 23(3): 52–56 (in Chinese with English abstract)
- [5] Wang L-M(王黎明), Jiao S-J(焦少杰), Jiang Y-X(姜艳喜), Yan H-D(严洪冬), Su D-F(苏德峰), Sun G-Q(孙广全). Establishment of molecular identity in 142 sweet sorghum varieties. *Acta Agron Sin* (作物学报), 2011, 37(11): 1975–1983 (in Chinese with English abstract)
- [6] Li X-H(李晓辉), Li X-H(李新海), Gao W-W(高文伟), Tian Q-Z(田清震), Li M-S(李明顺), Ma F-M(马凤鸣), Zhang S-H(张世煌). Establishment of DNA fingerprinting database of maize hybrids and its application in parentage identification. *Acta Agron Sin* (作物学报), 2005, 31(3): 386–391 (in Chinese with English abstract)
- [7] Wang F-G(王凤格), Zhao J-R(赵久然), Guo J-L(郭景伦), Liu L-Z(刘龙洲). Series of research on establishing DNA fingerprinting poll of Chinese new maize cultivars: I. The establishment of a standard SSR system fitting for maize cultivars identification. *Maize Sci* (玉米科学), 2003, 11(1): 3–6 (in Chinese with English abstract)
- [8] Liu P-W(刘平武), Zhou G-L(周国岭), Yang G-S(杨光圣), Fu T-D(傅廷栋). Fingerprints construction of hybrid parents in *Brassica napus* and its utilization in hybrid purity test. *Acta Agron Sin* (作物学报), 2005, 31(5): 640–646 (in Chinese with English abstract)
- [9] Qi L(齐兰), Wang W-Q(王文泉), Zhang Z-W(张振文), Ye J-Q(叶剑秋), Li K-M(李开绵). DNA fingerprinting analysis of 18 cassava varieties using sequence-related amplified polymorphism markers. *Acta Agron Sin* (作物学报), 2010, 36(10): 1642–1648 (in Chinese with English abstract)
- [10] Fu Y-H(付瑜华), Li J(李杰), Wang H-Y(王海燕), Yang Z-X(杨子贤), Wang W-Q(王文泉). Establishment of fingerprints for several commercial cultivars in cassava. *Plant Genet Resour* (植物遗传资源学报), 2007, 8(1): 51–55 (in Chinese with English abstract)
- [11] Piperidis G, Rattey A R, Taylor G O, Cox M C. DNA markers: a tool for identifying sugarcane varieties. *Aust Sugarcane*, 2004, 8(suppl): 1–8
- [12] Wang L-X(王立新), Li Y-F(李云伏), Chang L-F(常利芳), Huang L(黄岚), Li H-B(李宏博), Ge L-L(葛玲玲), Liu L-H(刘丽华), Yao J(姚骥), Zhao C-P(赵昌平). Method of ID constitution for wheat cultivars. *Acta Agron Sin* (作物学报), 2007, 33(10): 1738–1740 (in Chinese with English abstract)
- [13] Zheng H-Y(郑海燕), Su J-G(粟建光), Dai Z-G(戴志刚), Li Y(李燕), Chen J-Q(陈基权), Gong Y-C(龚友才). Establishment of molecular identity for kenaf germplasm using ISSR and RAPD markers. *Sci Agric Sin* (中国农业科学), 2010, 43(17): 3499–3510 (in Chinese with English abstract)
- [14] Gao Y-L(高运来), Zhu R-S(朱荣胜), Liu C-Y(刘春燕), Li W-F(李文福), Jiang H-W(蒋洪蔚), Li C-D(李灿东), Yao B-C(姚丙晨), Hu G-H(胡国华), Chen Q-S(陈庆山). Establishment of molecular ID in soybean varieties in Heilongjiang, China. *Acta Agron Sin* (作物学报), 2009, 35(2): 211–218 (in Chinese with English abstract)
- [15] Li H-Y(李英慧). Genetic Structure and Diversity for Chinese Soybean (*Glycine max* L.) Landraces in China and SNAPs Marker Development at *rhg1* Locus Underlying Resistance to Soybean Cyst Nematode. PhD Dissertation of Chinese Academy of Agricultural Sciences, 2005. pp 1–82 (in Chinese with English abstract)
- [16] Qin J(秦君), Chen W-Y(陈维元), Guan R-X(关荣霞), Jiang C-X(姜成喜), Li Y-H(李英慧), Fu Y-S(付亚书), Liu Z-X(刘章雄), Zhang M-C(张孟臣), Chang R-Z(常汝镇), Qiu L-J(邱丽娟). SSR analysis of genetic basis of Chinese soybean varieties broadened by oversea germplasm. *Chin Sci Bull* (科学通报), 2006, 51(6): 686–692 (in Chinese)
- [17] Hu G-H(胡根海), Hu H-Y(胡海燕). Genetic diversity analysis of high oil soybean based on SSR markers. *Acta Agric Univ*

- Jiangxiensis* (江西农业大学学报), 2008, 30(4): 638–642 (in Chinese with English abstract)
- [18] Mian M A R, Missaoui A M, Walker D R, Phillips D V, Boerma H R. Frogeye leaf spot of soybean: a review and proposed race designations for isolates of *Cercospora sojina* Hara. *Crop Sci*, 2008, 48: 14–24
- [19] Bachman M S, Tamulonis J P, Nickell C D, Bent A F. Molecular markers linked to brown stem rot resistance genes *Rbs₁* and *Rbs₂* in soybean. *Crop Sci*, 2001, 41: 527–535
- [20] Akem C N, Kashiell K E. Effect of planting date on severity of frogeye leaf spot and grain yield of soybeans. *Crop Protect*, 1994, 13: 607–610
- [21] Jiang C-L(姜翠兰), Ding J-J(丁俊杰), Wen J-Z(文景芝), Hu G-H(胡国华), Chen Q-S(陈庆山), Liu C-Y(刘春燕). Identification and mapping of the *Cercospora sojina* race 15 resistance gene in soybean. *Acta Phytophyl Sin* (植物保护学报), 2011, 38(2): 116–120 (in Chinese with English abstract)
- [22] Hu G-H(胡国华), Yu F-Y(于凤瑶), Sun W-B(孙文本), Luan H-H(栾怀海), Zhou S-Q(周顺启). The biotic genetic analysis for soybean resistance to frogeye spot. *Soybean Sci* (大豆科学), 1996, 15(1): 30–33 (in Chinese with English abstract)
- [23] Yang Q-K(杨庆凯), Qi Y-A(齐永安), Wu T-L(武天龙), Zhang X-G(张晓刚). Resistant test and a study on inheritance of resistance of soybean frogeye leaf spot. *J Northeast Agric Univ* (东北农业大学学报), 1988, 19(1): 1–14 (in Chinese with English abstract)
- [24] Dong W(董伟), Chen S-Y(陈受宜), Zou J-J(邹继军), Yang Q-K(杨庆凯), Cao Y-P(曹越平). Genetic analysis of resistance to race 7 of *Cercospora sojina* and identification of RAPD marker of resistance gene. *Sci Bull* (科学通报), 1998, 43(21): 2302–2307 (in Chinese)
- [25] Dong W(董伟), Yang Q-K(杨庆凯), Shen Y-G(沈义国). Identification of RAPD marker of resistance gene to race 1 of *Cercospora sojina*. *High Tech Commun* (高科技通讯), 1999, (10): 48–51 (in Chinese)
- [26] Zhang W-H(张文慧), Chen Q-S(陈庆山), Yang Q-K(杨庆凯), Li W-B(李文滨), Wang W-H(王文辉), Liu C-Y(刘春燕), Chen L-J(陈立君), Liu H-Y(刘海燕), Shan J-X(单继勋). Analysis of resistant gene against *Cercospora sojina* race 1 in soybean with SSR marker. *Soybean Sci* (大豆科学), 2004, 23(3): 169–173 (in Chinese with English abstract)
- [27] Mian M A R, Wang T Y, Phillips D V, Alvernaz J, Boerma H R. Molecular mapping of the *Rcs3* gene for resistance to frogeye leaf spot in soybean. *Crop Sci*, 1999, 39: 1687–1691
- [28] Chen Q-S(陈庆山), Zhang Z-C(张忠臣), Liu C-Y(刘春燕), Xin D-W(辛大伟), Shan D-P(单大鹏), Qiu H-M(邱红梅), Shan C-Y(单彩云). QTL analysis of major agronomic traits in soybean. *Sci Agric Sin* (中国农业科学), 2007, 40(1): 41–47 (in Chinese with English abstract)
- [29] Chen Q-S(陈庆山). Comparative analysis of specialty index and genetic similarity on soybean germplasm with resistance to *Cercospora sojina* Hara. *China Biotechnol* (中国生物工程杂志), 2005, 25(suppl): 155–158 (in Chinese with English abstract)
- [30] Wang J-Y(王静毅), Chen Y-Y(陈业渊), Huang B-Z(黄秉智), Yu F(于飞), Wu Y-T(武耀廷). Establishment of fingerprinting for bananas (*Musa nana*) by SSR marker. *J Fruit Sci* (果树学报), 2009, 26(5): 733–738 (in Chinese with English abstract)
- [31] Russell J, Fuller J, Young G, Thomas B, Taramino G, Macaulay M, Waugh R, Powell W. Discrimination between barley genotypes using microsatellite markers. *Genome*, 1997, 40: 442–450
- [32] Akagi H, Yokozeki Y, Inagaki A, Fujimura T. Highly polymorphic microsatellites of rice consist of AT repeats and a classification of closely related cultivars with these microsatellite loci. *Theor Appl Genet*, 1997, 94: 61–67

附表 供试大豆品种(系)的接种鉴定结果及特异性指数和分子身份证

Appendix Specific index, molecular ID, and resistance identification results of soybean varieties (lines) used in the experiment

| 品种(系)和来源 Variety (line) and source | 抗性小种 Resistance race | | | 特异性指数 Specific index | 分子身份证 Molecular ID |
|---------------------------------------|----------------------|--------------------|-----------------|-------------------------|-----------------------|
| | 中国 1 号小种 | 中国 15 号小种 | 美国 5 号小种 | | |
| | Race 1 from China | Race 15 from China | Race 5 from USA | | |
| 黑龙江省农业科学院绥化分院 ShB-HAAS | | | | | |
| 绥农 10 Suinong 10 | 抗 R | 感 S | 感 S | 79.304 | 3654251 |
| 黑龙江省农垦科学院 HALR | | | | | |
| 垦丰 16 Kenfeng 16 | 抗 R | 抗 R | 抗 R | 65.859 | 3432112 |
| 黑龙江省农业科学院黑河分院 HhB-HAAS | | | | | |
| 黑河 05-1667 Heihe 05-1667 | 感 S | 感 S | 感 S | 76.824 | 1355452 |
| 北早种业有限公司 BzSCL | | | | | |
| 早 03-12 Zao 03-12 | 感 S | 抗 R | 感 S | 63.988 | 1334253 |
| 东北农业大学大豆研究所 SRI-NEAU | | | | | |
| 东农 07-002 Dongnong 07-002 | 感 S | 抗 R | 抗 R | 84.630 | 3134232 |
| 东农 164 Dongnong 164 | 感 S | 感 S | 感 S | 74.655 | 1452132 |
| 东农 03-80045 Dongnong 03-80045 | 感 S | 感 S | 感 S | 78.171 | 2654453 |
| 东选青大粒 03-1 Dongxuanqingdali 3-1 | 抗 R | 抗 R | 抗 R | 66.751 | 2432451 |
| 东农 92-19 Dongnong 92-19 | 抗 R | 抗 R | 感 S | 86.645 | 1434453 |
| 黑龙江八一农垦大学 HAFLRU | | | | | |
| 农大 96069 Nongda 96069 | 抗 R | 抗 R | 抗 R | 71.861 | 5422341 |
| 农大 45336 Nongda 45336 | 抗 R | 抗 R | 抗 R | 62.519 | 5434332 |
| 农大 25794 Nongda 25794 | 抗 R | 抗 R | 抗 R | 182.161 | 3441552 |
| 农大 56422 Nongda 56422 | 抗 R | 抗 R | 感 S | 64.433 | 3454141 |
| 农大 46023 Nongda 46023 | 感 S | 抗 R | 抗 R | 70.579 | 3464432 |
| 农大 46562 Nongda 46562 | 抗 R | 抗 R | 抗 R | 90.561 | 2455222 |
| 农大 45770 Nongda 45770 | 抗 R | 抗 R | 抗 R | 88.521 | 2452212 |
| 黑龙江省华疆种业有限责任公司 HjSCLHP | | | | | |
| 华疆 3890 Huajiang 3890 | 感 S | 感 S | 感 S | 65.339 | 2654352 |
| 疆丰 6162 Jiangfeng 6162 | 感 S | 感 S | 感 S | 481.541 | 2-55344 |
| 华疆 1108 Huajiang 1108 | 感 S | 感 S | 感 S | 85.321 | 2354343 |
| 黑龙江省农业科学院大豆研究所 SRI-HAAS | | | | | |
| 黑农 55 Heinong 55 | 感 S | 抗 R | 抗 R | 63.103 | 2451412 |
| 菽锦 05-sh023 Shujin 05-sh023 | 感 S | 抗 R | 抗 R | 85.701 | 5435132 |
| 哈交 05-9415 Hajiao 05-9415 | 抗 R | 抗 R | 感 S | 104.678 | 3444252 |
| 菽锦 03-5519 Shujin 03-5519 | 抗 R | 抗 R | 抗 R | 53.351 | 3414332 |
| 菽锦 05-9436 Shujin 05-9436 | 抗 R | 抗 R | 抗 R | 66.486 | 3134112 |
| 菽锦 05-9171 Shujin 05-9171 | 感 S | 抗 R | 抗 R | 65.239 | 1454252 |
| 菽锦 05-8009 Shujin 05-8009 | 感 S | 抗 R | 感 S | 85.236 | 3212332 |
| 哈交 01-5314 Hajiao 01-5314 | 感 S | 感 S | 抗 R | 79.472 | 1255331 |
| 菽锦 06-8548 Shujin 06-8548 | 感 S | 感 S | 感 S | 115.793 | 125-241 |
| 菽锦 sh8063 Shujin sh8063 | 感 S | 感 S | 感 S | 73.825 | 3651242 |
| 哈交 sh8047 Hajiao sh8047 | 抗 R | 抗 R | 抗 R | 75.656 | 3322313 |
| 菽锦 05-9411 Shujin 05-9411 | 抗 R | 抗 R | 抗 R | 76.062 | 3353152 |
| 哈 04-2149 Ha 04-2149 | 抗 R | 抗 R | 抗 R | 62.942 | 2413312 |
| 哈 05-7361 Ha 05-7361 | 抗 R | 感 S | 抗 R | 117.617 | 4634411 |
| 哈 05-7991 Ha 05-7991 | 感 S | 感 S | 感 S | 64.647 | 4411341 |
| 哈 03-3764 Ha 03-3764 | 抗 R | 抗 R | 感 S | 139.260 | 4211243 |
| 哈 sh8084 Ha sh8084 | 抗 R | 感 S | 感 S | 71.611 | 2453341 |

(续附表)

| 品种(系)和来源 Variety (line) and source | 抗性小种 Resistance race | | | 特异性指数 Specific index | 分子身份证 Molecular ID |
|---------------------------------------|-------------------------------|---------------------------------|-----------------------------|-------------------------|-----------------------|
| | 中国 1 号小种 Race 1 from China | 中国 15 号小种 Race 15 from China | 美国 5 号小种 Race 5 from USA | | |
| 黑龙江省农业科学院大庆分院 DqB-HAAS | | | | | |
| 安 02-350 An 02-350 | 感 S | 感 S | 抗 R | 86.964 | 3212311 |
| 黑龙江省农业科学院黑河分院 HhB-HAAS | | | | | |
| 黑河 03-5086 Heihe 03-5086 | 抗 R | 感 S | 感 S | 67.307 | 3354351 |
| 黑河 05-5357 Heihe 05-5337 | 感 S | 感 S | 感 S | 110.320 | 2555251 |
| 黑河 03-3603 Heihe 03-3603 | 感 S | 抗 R | 抗 R | 67.739 | 1334453 |
| 黑交 01-2008 Heijiao 01-2008 | 感 S | 抗 R | 感 S | 127.037 | 3242352 |
| 黑龙江省农业科学院佳木斯分院 JmsB-HAAS | | | | | |
| 合交 03-1352 Hejiao 03-1352 | 抗 R | 抗 R | 抗 R | 61.934 | 5134152 |
| 合交 03-96 Hejiao 03-96 | 感 S | 感 S | 抗 R | 63.38 | 4634-51 |
| 合辐 04-4 Hefu 04-4 | 感 S | 抗 R | 抗 R | 55.079 | 2434412 |
| 合交 04-553 Hejiao 04-553 | 感 S | 抗 R | 感 S | 65.019 | 3612352 |
| 合交 03-214 Hejiao 03-214 | 感 S | 感 S | 感 S | 82.311 | 2655442 |
| 合交 03-952 Hejiao 03-952 | 感 S | 抗 R | 感 S | 93.450 | 114224- |
| 合 06-91 He 06-91 | 感 S | 感 S | 感 S | 107.317 | 3655311 |
| 合 05-1662 He 05-1662 | 抗 R | 感 S | 感 S | 77.241 | 3654414 |
| 合 03-183 He 03-183 | 抗 R | 感 S | 感 S | 60.355 | 4623452 |
| 合 05-1237 He 05-1237 | 抗 R | 抗 R | 感 S | 72.532 | 2413152 |
| 合 05-69 He 05-69 | 抗 R | 抗 R | 抗 R | 63.241 | 332-411 |
| 黑龙江省农业科学院克山分院 KsB-HAAS | | | | | |
| 克交 02-7741 Kejiao 02-7741 | 抗 R | 抗 R | 抗 R | 154.167 | 6134351 |
| 黑龙江省农业科学院绥化分院 ShB-HAAS | | | | | |
| 绥 05-6022 Sui 05-6022 | 抗 R | 抗 R | 感 S | 55.338 | 3434152 |
| 绥 05-7251 Sui 05-7251 | 感 S | 抗 R | 感 S | 65.033 | 4314152 |
| 绥 02-282 Sui 02-282 | 感 S | S 感 | 感 S | 109.573 | 1124251 |
| 绥 05-7046 Sui 05-7046 | 感 S | 抗 R | 感 S | 142.363 | 2161254 |
| 绥 03-3005 Sui 03-3005 | 感 S | S 感 | 感 S | 72.820 | 2655451 |
| 黑龙江省农业科学院育种研究所 BRI-HAAS | | | | | |
| 龙品 04-239 Longpin 04-239 | 抗 R | 抗 R | 抗 R | 80.774 | 5421412 |
| 龙品 03-311 Longpin 03-311 | 感 S | 感 S | 感 S | 55.967 | 2651314 |
| 龙品 06-29 Longpin 06-29 | 感 S | 感 S | 感 S | 124.932 | 4455143 |
| 龙品 07-75 Longpin 07-75 | 感 S | 感 S | 抗 R | 67.836 | 4621211 |
| 黑龙江省农垦科学院 HALR | | | | | |
| 垦 04-8586 Ken 04-8586 | 抗 R | 抗 R | 抗 R | 63.582 | 3422111 |
| 垦 03-944 Ken 03-944 | 感 S | 抗 R | 抗 R | 65.262 | 3452312 |
| 垦 04-9904 Ken 04-9904 | 抗 R | 抗 R | 抗 R | 50.479 | 3431131 |
| 垦 00-2382 Ken 00-2382 | 感 S | 感 S | 感 S | 86.668 | 4414344 |
| 垦 04-9638 Ken 04-9638 | 感 S | 感 S | 感 S | 49.214 | 1654353 |
| 垦 04-9900 Ken 04-9900 | 感 S | 感 S | 感 S | 55.856 | 1654131 |
| 垦 99-5078 Ken 99-5078 | 抗 R | 感 S | 感 S | 88.971 | 2663451 |
| 垦 04-8579 Ken 04-8579 | 抗 R | 抗 R | 抗 R | 81.835 | 2363113 |
| 垦 05-2782 Ken 05-2782 | 感 S | 抗 R | 抗 R | 167.399 | 2232152 |
| 垦 05-3002 Ken 05-3002 | 抗 R | 抗 R | 抗 R | 98.614 | 3253252 |
| 黑龙江省农垦科研育种中心 CRBC-HLR | | | | | |
| 北育 5627 Beiyu 5627 | 感 S | 感 S | 感 S | 67.168 | 2655454 |
| 北育 3283 Beiyu 3283 | 感 S | 感 S | 抗 R | 59.507 | 3634341 |
| 北育 4317 Beiyu 4317 | 感 S | 感 S | 感 S | 58.953 | 4655254 |
| 北育 1041 Beiyu 1041 | 感 S | 抗 R | 感 S | 73.943 | 4223352 |

(续附表)

| 品种(系)和来源 Variety (line) and source | 抗性小种 Resistance race | | | 特异性指数 Specific index | 分子身份证 Molecular ID |
|---------------------------------------|-------------------------------|---------------------------------|-----------------------------|-------------------------|-----------------------|
| | 中国 1 号小种 Race 1 from China | 中国 15 号小种 Race 15 from China | 美国 5 号小种 Race 5 from USA | | |
| 黑龙江省农垦总局宝泉岭农业科学研究所 BqlARI-HPGBLR | | | | | |
| 北豆 6 号 Beidou 6 | 感 S | 抗 R | 感 S | 81.683 | 3331312 |
| 宝交 06-5368 Baojiao 06-5368 | 感 S | 感 S | 感 S | 92.017 | 3124353 |
| 宝交 04-4086 Baojiao 04-4086 | 感 S | 抗 R | 感 S | 65.715 | 1323112 |
| 宝交 04-4036 Baojiao 04-4036 | 抗 R | 感 S | 抗 R | 81.999 | 4621111 |
| 黑龙江省农垦总局红兴隆农业科学研究所 HxlARI-HPGBLR | | | | | |
| 钢 9777-1 Gang 9777-1 | 抗 R | 抗 R | 抗 R | 86.751 | 3415141 |
| 钢 9866-11 Gang 9866-11 | 抗 R | 抗 R | 抗 R | 59.577 | 4412152 |
| 钢 0052-3 Gang 0052-3 | 抗 R | 抗 R | 抗 R | 64.389 | 3411153 |
| 钢 9777-8 Gang 9777-8 | 抗 R | 抗 R | 抗 R | 76.467 | 3445242 |
| 黑龙江省农垦总局建三江农业科学研究所 JsJARI-HPGBLR | | | | | |
| 建 03-818 Jian 03-818 | 抗 R | 抗 R | 抗 R | 49.176 | 3432332 |
| 建 03-1305 Jian 03-1305 | 感 S | 感 S | 感 S | 86.880 | 1414323 |
| 建 04-83 Jian 04-83 | 抗 R | 感 S | 感 S | 89.958 | 1651323 |
| 建 03-2 Jian 03-2 | 抗 R | 抗 R | 抗 R | 71.699 | 1432232 |
| 建 03-577 Jian 03-577 | 感 S | 抗 R | 抗 R | 140.644 | 2451424 |
| 九三 04-68 Jiusan 04-68 | 感 S | 感 S | 感 S | 55.602 | 4654453 |
| 黑龙江省种子管理局 SAHP | | | | | |
| 龙江绿小豆 Longjianglǜxiaodou | 抗 R | 抗 R | 感 S | 308.112 | 2451142 |
| 吉林平安种业 PaSCJP | | | | | |
| 平安 1183 Ping'an 1183 | 感 S | 感 S | 感 S | 85.272 | 2255333 |
| 龙江玉米大豆研究所 LjCSRI | | | | | |
| 龙江 286 Longjiang 286 | 感 S | 抗 R | 感 S | 60.811 | 2634411 |
| 龙江 330 Longjiang 330 | 感 S | 感 S | 感 S | 67.950 | 435435- |
| 黑龙江省嫩江县种子分公司 NjSC | | | | | |
| 嫩奥 05-119 Nengao 05-119 | 感 S | 感 S | 感 S | 72.671 | 2654351 |
| 沈阳军区嫩江副食品基地 NjNF-SyMR | | | | | |
| 沈嫩 05-496 Shennen 05-496 | 感 S | 感 S | 抗 R | 63.578 | 3631341 |
| 沈嫩 05-501 Shennen 05-501 | 感 S | 感 S | 感 S | 138.945 | 2654451 |
| 黑龙江省绥化晨环种业 ChSCSC | | | | | |
| 晨环 1 号 Chenhuan 1 | 抗 R | 抗 R | 抗 R | 82.921 | 4231452 |
| 黑龙江省绥化五谷丰种业 WgfSCSC | | | | | |
| 谷豆 9903 Gudou 9903 | 抗 R | 感 S | 抗 R | 46.592 | 2634311 |
| 益海种业有限公司 YhSCL | | | | | |
| 益春 03-826 Yichun 03-826 | 抗 R | 抗 R | 抗 R | 83.734 | 5232451 |
| 益春 05-187 Yichun 05-187 | 感 S | R 抗 | 感 S | 168.387 | 5434441 |
| 中国科学院海伦农业生态试验站 HIES-CAS | | | | | |
| 东生 420 Dongsheng 420 | 感 S | 感 S | 感 S | 55.549 | 2654431 |
| 东生 4805 Dongsheng 4805 | 感 S | 感 S | 感 S | 68.834 | 3654141 |

ID 号标记次序: 1: Satt565; 2: Satt547; 3: Satt431; 4: Sct_186; 5: SOYGATR; 6: Satt244; 7: Sat_151。

Marker order in ID: 1: Satt565; 2: Satt547; 3: Satt431; 4: Sct_186; 5: SOYGATR; 6: Satt244; 7: Sat_151. ShB-HAAS: Suihua Branch of Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences; HALRS: Heilongjiang Academy of Land Reclamation Sciences; HhB-HAAS: Heihe Branch of Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences; BzSCL: Beizao Seed Company Limited; SRI-NEAU: Soybean Research Institute of Northeast Agricultural University; HAFLRU: Heilongjiang August First Land Reclamation University; HJSCLHP: Huajiang Seed Company Limited of Heilongjiang Province; SRI-HAAS: Soybean Research Institute, Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences; DqB-HAAS: Keshan Branch of Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences; JmsB-HAAS: Jiamusi Branch of Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences; BRI-HAAS: Breeding Research Institute, Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences; CRBC-HLR: Crop Research and Breeding Center of Land Reclamation of Heilongjiang; BqlARI-HPGBLR: Baoquanling Agricultural Research Institute, General Bureau of Land Reclamation of Heilongjiang Province; HxlARI-HPGBLR: Hongxinglong Agricultural Research Institute, General Bureau of Land Reclamation of Heilongjiang Province; JsJARI-HPGBLR: Jiansanjiang Agricultural Research Institute, General Bureau of Land Reclamation of Heilongjiang Province; SAHP: Seeds Administration of Heilongjiang Province; PaSCJP: Ping'an Seed Company of Jilin Province; LjCSRI: Longjiang Corn and Soybean Research Institute; NjSC: Seed Company of Nengjiang City; NjNF-SyMR: Nenjiang Non-staple Food Base of Shenyang Military Region; ChSCSC: Chenhuan Seed Company of Suihua City; WgfSCSC: Wugufeng Seed Company of Suihua City; YhSCL: Yihai Seed Company Limited; HIES-CAS: Hailun Experiment Stations, Chinese Academy of Sciences.