

大豆品种郑 97196 对疫霉根腐病的抗性遗传分析及基因定位

张海鹏 郭 娜 牛景萍 黄 婧 彭 洋 王海棠 赵晋铭 邢 邯

(南京农业大学 大豆研究所/国家大豆改良中心/农业部大豆生物学与遗传育种重点实验室(综合)/作物遗传与种质创新国家重点实验室,江苏 南京 210095)

摘 要: 由大豆疫霉引起的大豆疫霉根腐病是一种世界性大豆病害,对产量品质影响极大。利用抗病品种进行防治是目前最经济、有效的方法。大豆对疫霉菌株的抗性分为由单基因控制的完全抗性和由多基因控制的部分抗性两种。以对多个大豆疫霉生理小种具有抗性的大豆品种郑 97196 作为抗性亲本与大豆感病品系 X242003 杂交构建 $F_{2:3}$ 重组自交家系群体,用大豆疫霉菌株 HeN35 对亲本及 $F_{2:3}$ 群体进行抗性遗传分析并利用 SSR 技术对郑 97196 的抗性基因进行定位。结果表明:郑 97196 对大豆疫霉抗性是由一对显性单基因控制的,抗病对感病表现为显性,再用 9 种毒力公式不同的疫霉菌株分别接种郑 97196 和 14 个国内外公认的含有单个抗病基因的大豆品种(鉴别寄主),观察并记录抗性反应类型,结果显示郑 97196 的抗性反应类型与 14 个鉴别寄主有所不同,推测其可能含有新的抗病基因,暂命名为 *RpsZheng*。通过 SSR 分子作图分析,该基因位于大豆分子遗传图谱 N 连锁群上 *satt485* 和 *satt584* 之间,与这两个标记之间的距离分别为 2.1 和 3.7 cM。

关键词: 大豆;大豆疫霉根腐病;遗传分析;抗病基因;SSR 标记

中图分类号: S565.1 文献标识码: A DOI: 10.11861/j.issn.1000-9841.2016.03.0373

Genetic Analysis of Resistance to *Phytophthora sojae* and Mapping of Resistance Gene in Soybean Cultivar Zheng 97196

ZHANG Hai-peng GUO Na NIU Jing-ping HUANG Jing PENG Yang WANG Hai-tang ZHAO Jin-ming XING Han

(Soybean Research Institute of Nanjing Agricultural University/Key Laboratory of Biology and Genetics and Breeding for Soybean(General), Ministry of Agriculture/State Key Laboratory for Crop Genetics and Germplasm Enhancement, Nanjing 210095, China)

Abstract: *Phytophthora* root rot of soybean is a worldwide soybean diseases caused by *Phytophthora sojae* (*P. sojae*), has a great impact on the yield and quality. Resistant cultivars is the most economical and effective method to prevent it. Soybean *Phytophthora* resistance contain complete resistance controlled by single gene and partial resistance controlled by multiple genes, in this study the cultivars Zheng 97196 to multiple physiological strain of *P. sojae* resistant. A population of $F_{2:3}$ recombinant inbred lines(RIL) derived from the cross of Zheng 97196 \times X242003, then the RIL was used to analyze the inheritance of resistance by inoculated *P. sojae* HeN35 and map the resistance gene to a linkage group. The results showed that the resistance of Zheng 97196 to *P. sojae* was controlled by a single gene (*Rps*), and the resistance was dominant to susceptible, then 9 kinds of different virulence formula *P. sojae* were inoculated Zheng 97196 and 14 widely recognized as disease-resistant soybean varieties contain a single gene(differential hosts), recorded the type of reaction, the results showed Zheng 97196 reaction type was different from 14 differential hosts, speculated that it may have new resistance genes, temporarily named *RpsZheng*. Basis of linkage analysis with SSR markers the gene was located on molecular linkage group N and flanked by *satt485* and *satt584* with genetic distances 2.1 and 3.7 cM.

Keywords: *Glycine max*; *Phytophthora* root rot of soybean; Genetic analysis; Resistance gene; SSR markers

由大豆疫霉(*Phytophthora sojae*)引起的大豆疫霉根腐病是一种危害程度仅次于大豆胞囊线虫(soybean cyst nematode, SCN)的世界性大豆病害^[1]。由于其危害面积大,程度重,大豆疫霉根腐病被列

为毁灭性的大豆病害之一^[2]。1951 年美国俄亥俄州首次报道该病,目前此病已传播到世界各国大豆产区^[3]。该病在我国东北、黄淮、长江中下游 3 个大豆主产区以及其它生产区也广泛分布,对我国的

收稿日期: 2015-10-10

基金项目: 国家公益性行业(农业)科研专项经费(201303018); 优质高产高油大豆种质创新与新品种选育(BE2013350); 江苏省自然科学基金项目(BK2011637 和 BK20130684); 国家现代农业产业技术体系(CARS-04-PS10); 江苏省现代作物生产协同创新中心。

第一作者简介: 张海鹏(1992-),男,硕士,主要从事大豆遗传育种研究。E-mail: zhp517@hotmail.com。

通讯作者: 邢邯(1963-),男,教授,博士生导师,主要从事大豆遗传育种研究。E-mail: hanx@njau.edu.cn。

大豆生产造成严重威胁^[4-6]。大豆疫霉病菌是一种土传卵菌纲病原,对化学药剂抗性较强,可以通过土壤、水源和空气传播,传统的化学方法和农艺手段很难彻底防治。目前利用抗病品种进行防治是最经济、有效和环保的方法。大豆对疫霉根腐病具有两种抗性:一种是由单个 *Rps*(resistance to *Phytophthora sojae*) 基因控制的质量抗性,即完全抗性;另一种是由多基因控制的数量抗性,即部分抗性。研究表明当病原菌数量较多时或环境胁迫较大时,大豆的数量性状抗性容易被克服^[7],因此,挖掘和利用质量性状抗性是防治该病害首要任务^[8]。Bernard 等于 1957 年发现大豆品种 Harlon 对大豆疫霉的抗性是由一对显性单基因控制的,并鉴定出了第一个抗疫霉基因 *Rps1a*,至今国内外已发现了多个抗疫霉基因^[8-17]。但除了 *Rps1* 及其部分等位基因外,其它抗性基因在我国并不有效^[3,5,18-20],加之大豆疫霉菌株的抗逆性很强且变异频率较高,一个大豆品种的抗性很容易被克服,所以迫切需要发掘新的抗性基因,培育更优秀的抗病品种。

本研究选用对我国多个疫霉生理小种具有抗性的大豆品种郑 97196 与感病品系 X242003 配制杂交组合,构建重组自交群体并接种大豆疫霉菌株 HeN35,以明确大豆疫霉根腐病完全抗性的遗传方式。并利用 SSR 技术对抗性基因定位,找到与之紧密连锁的分子标记,旨在为下一步克隆抗病基因和分子抗病育种提供依据。

1 材料与方法

1.1 植物材料

大豆品种郑 97196,品系 X242003 由南京农业大学国家大豆改良中心提供。以郑 97196(P_1)作父本,X242003(P_2)作母本杂交得到 F_1 代, F_1 代自交得到 F_2 代, F_2 代自交衍生的 $F_{2:3}$ 重组自交家系作为抗性遗传分析材料和作图群体。

14 个国内外公认的鉴别寄主(含有一对单显性抗大豆疫霉基因的大豆品种)有 Williams,Harlon,Harosoy 13XX,Williams 79,PI103091,Williams 82,L76-1988,Chapman,PRX146-36,PRX145-48,L85-2352,L85-3059,Harosoy62XX,Harosoy。

1.2 疫霉菌株

南京农业大学植物保护学院提供 9 个毒力公式各不相同的疫霉菌株 P6497、7076、Pmg、R31、JS08-12、HeN35、HLJ17、H15、W274。菌株在 V8 (10%

Campbell's V8 蔬菜汁,0.02% CaCO_3 ,1.5% 琼脂粉)斜面培养基试管(12℃)中保存备用,试验前转入 V8 平板培养基,在 25℃ 培养箱中生长 6~7 d 用于接种。其中菌株 HeN35(毒力公式 3a 3c 4 5 6,7)用来对郑 97196,X242003 及其 $F_{2:3}$ 家系进行抗性鉴定。

1.3 群体抗性鉴定

每个 $F_{2:3}$ 家系取 10 粒种子播种在装有蛭石的一次性塑料杯中,在温室中培养至两片真叶完全展开,用刀片将大豆子叶节下方轻划一伤口,伤口长度约 1 cm,深度不超过大豆幼苗茎粗的 1/3^[21],取生长在 V8 培养基边缘的活力旺盛的菌株接种在伤口上,接种后保湿 48 h,再转入温室正常培养,6~7 d 后参照 Gordon 等^[15]的方法调查植株存活状况。植株存活率大于 80% 的为纯合抗病家系,存活率在 21%~79% 的为抗性分离家系,小于 20% 的为感病家系。

1.4 总 DNA 提取

采用改良的 CTAB 法^[22]提取所有试验材料的总 DNA(亲本及 $F_{2:3}$ 家系的全部单株)。

1.5 构建抗感基因池

根据 $F_{2:3}$ 家系抗性鉴定的结果,取 10 株纯合抗病家系植株的 DNA 溶液等浓度等量混合,得到抗病基因池;取 10 株纯合感病植株的 DNA 溶液等浓度等量混合,得到感病基因池。

1.6 PCR 扩增和 SSR 分析

根据 SoyBase(<http://soybase.org/>)网站上提供的序列,由南京金斯瑞生物公司合成扩增所需的 SSR 引物。PCR 反应体系 10 μL :正向引物、反向引物各 1.5 μL (10 $\text{ng}\cdot\mu\text{L}^{-1}$),天根公司 *Taq* 酶 4 μL (5 $\text{U}\cdot\mu\text{L}^{-1}$),DNA 模板 3 μL (10 $\text{ng}\cdot\mu\text{L}^{-1}$)。反应程序为:94℃ 预变性 5 min;95℃ 变性 40 s,55℃ 退火 50 s(不同引物温度略有不同),72℃ 延伸 50 s,33 个循环,72℃ 延伸 10 min,4℃ 保温。

首先选取大豆全基因组 SSR 引物在亲本间筛选,将在亲本间具有多态性的标记在抗感池间筛选,再将在抗感池间也具有多态性的标记用于扩增组合衍生的 $F_{2:3}$ 家系群体,记录并对带型结果进行分析。家系群体中与抗性亲本带型相同的记为“AA”,与感病亲本带型相同的记为“BB”,同时具有亲本两种带型的记为“AB”,带型不清或缺失的记为“-”。利用 JoinMap 4.0 软件分析连锁关系,并利用刘仁虎等编写的 Excel 宏-MapDraw^[23]得到最终

的定位图谱。基因控制的显性遗传 ,该基因暂命名为 *RpsZheng*。

2 结果与分析

2.1 郑 97196 抗疫霉菌株 HeN35 的遗传分析

利用下胚轴创伤接种法^[21]对亲本郑 97196 , X242003 及其衍生的 F_{2:3} 重组自交家系接种大豆疫霉菌株 HeN35。结果显示: 郑 97196 对大豆疫霉菌株 HeN35 表现为完全抗病 ,X242003 表现为完全感病(图 1)。表 1 反映的是郑 97196 × X242003 组合各世代对 HeN35 菌株的抗性反应 ,杂交组合的 F₁ 均表现为抗病 ,211 个 F_{2:3} 家系中 56 个表现为完全抗病 ,50 个表现为完全感病 ,105 个表现为抗感分离。经卡方测验符合分离比例为抗病: 分离: 感病 = 1:2:1 ,说明郑 97196 对大豆疫霉 HeN35 的抗性是一对单



图 1 大豆品种郑 97196 和 X242003 接种大豆疫霉菌株 HeN35 后的表型
Fig. 1 *Phytophthora* resistance test of the soybean lines inoculated with the *P. sojae* isolate HeN35

表 1 Zheng 97196 和 X242003 及其 F_{2:3} 群体对 HeN35 的抗性反应

亲本或家系 Cross or parents	株数 Number of plants			卡方检测 Chi-squared tests		
	抗病	分离	感病	期望比	χ^2	<i>P</i>
	Resistance	Heterozygosis	Susceptibility	Expected ratio		
郑 97196(<i>P</i> ₁)	40	0	0			
F ₁	30	0	0			
F _{2:3}	56	105	50	1:2:1	0. 84	0. 66
X242003(<i>P</i> ₂)	0	0	40			

2.2 抗病基因推导

表 2 反映了两个亲本及国内外公认的 14 个鉴别寄主(含有一对单显性抗大豆疫霉基因的大豆品种) 对 9 个疫霉生理小种的反应类型 ,抗性亲本郑 97196 的反应类型为: RSSSSRRRR ,与 14 个鉴别寄

主的反应类型均不相同 ,据此推测 *RpsZheng* 可能存在新的抗病基因。感病亲本 X242003 的反应类型为: SSSSSSSS ,与大豆感病品种 Williams(*rps*) 的反应类型一致 ,说明它不含抗病基因。

表 2 大豆品种对 9 个疫霉菌株的反应类型

Table 2 The reactions of different soybean cultivars to 9 strains of *P. sojae*

大豆品种 Cultivar	<i>Rps</i>	大豆疫霉菌株 <i>P. sojae</i>								
		P6497	7076	Pmg	R31	JS08-12	HeN35	HLJ17	H15	W274
Williams		S	S	S	S	S	S	S	S	S
Harlon	1a	R	S	R	R	S	R	R	R	R
Harosoy13XX	1b	S	S	S	R	S	R	R	R	R
Williams 79	1c	R	S	R	R	S	R	R	R	R
PI103091	1d	R	S	S	R	S	R	R	R	R
Williams 82	1k	R	S	R	S	S	R	R	S	R
L76-1988	2	S	R	S	S	S	R	S	R	R
Chapman	3a	R	S	S	R	S	S	R	R	R
PRX146-36	3b	R	S	S	S	S	R	R	S	R
PRX145-48	3c	S	R	R	S	S	S	R	S	S
L85-2352	4	R	R	S	S	S	S	S	R	R
L85-3059	5	R	S	S	S	S	S	S	S	R

续表 2

大豆品种 Cultivar	<i>Rps</i>	大豆疫霉菌株 <i>P. sojae</i>								
		P6497	7076	Pmg	R31	JS08-12	HeN35	HLJ17	H15	W274
Harosoy62XX	6	R	R	S	S	S	S	R	S	R
Harosoy	7	S	R	S	S	S	S	S	S	R
郑 97196		R	S	S	S	S	R	R	R	R
X242003		S	S	S	S	S	S	S	S	S
毒力公式			1a 1b 1d , 1b 1d 2 ,	1k 2 ,	1a 1b 1c ,					
Virulence		1b 2 ,	1c1k 3a , 3a 3b 4 ,	3b3c ,	1d 1k 2 , 3a 3c ,				1k 3b 3c ,	3c
pathotype		3c 7	3b 5 5 6 7	4 5 6 7	3a 3b 3c , 4 5 6 7			2 4 5 7	5 6 7	

R: 抗病类型; S: 感病类型。
R: Resistant; S: Susceptible.

2.3 SSR 标记分析与连锁图谱构建

利用从 SoyBase(<http://soybase.org/>) 网站上随机选择的 500 对大豆基因组 SSR 引物进行多态性筛选,其中 154 个标记在亲本郑 97196 和 X242003 间具有多态性,出现多态性的频率为 30.8%。将这 154 个标记用于抗感池间多态性标记筛选,其中标记 satt485、satt584、satt159 和 satt125 在抗感池间均具有多态性,它们全部位于大豆基因组分子图谱 N 连锁群(3 号染色体),推测抗性基因可能存在于 N 连锁群。为防止遗漏标记,再对 N 连锁群上的全部标记继续进行多态性筛选,发现标记 satt009 和 satt683 在亲本和抗感池间也具有多态性。

用筛选出的 6 对标记引物(satt485、satt584、satt159、satt125、satt009、satt683) 对 郑 97196 × X242003 组合衍生的 211 个 F_{2:3} 家系进行扩增,记录并分析特征条带(图 2)。结果表明这 6 个标记都与 *RpsZheng* 连锁,并且它们在群体中均呈 1:2:1 分布,为共显性标记(表 3)。

利用 JoinMap 4.0 软件和 Excel 宏 - MapDraw 进行连锁分析并作图。在该连锁图谱上,郑 91796 中的抗病基因 *RpsZheng* 位于标记 satt485 和 satt584 之间,与这两个标记间的距离分别为 2.1 和 3.7 cM (图 3)。

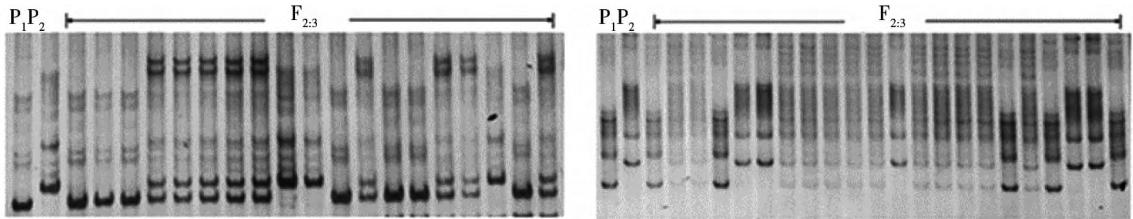


图 2 引物 satt485 和 satt584 在亲本和 F_{2:3} 部分家系中扩增结果

Fig. 2 Amplification products of satt485 and satt584 among parents and F_{2:3}

表 3 基因 *RpsZheng* 及与之连锁的 SSR 标记在杂交组合衍生的 F_{2:3} 群体中的分离情况

Table 3 Segregation of the gene *RpsZheng* and linked SSR markers in F_{2:3} families from Hybrid combination

基因/标记 Gene/Marker	株数 Number of F _{2:3} plants	观察值 Observed number			期望比 Expected ratio	χ^2	<i>P</i>
		AA	AB	BB			
<i>RpsZheng</i>	211	56	105	50	1:2:1	0.84	0.66
satt485	211	51	112	48	1:2:1	0.60	0.74
satt584	211	48	115	48	1:2:1	0.39	0.82
satt159	211	54	106	51	1:2:1	0.95	0.62
satt125	211	52	107	52	1:2:1	0.96	0.62
satt009	211	50	115	46	1:2:1	0.36	0.84
satt683	211	51	114	46	1:2:1	0.41	0.81

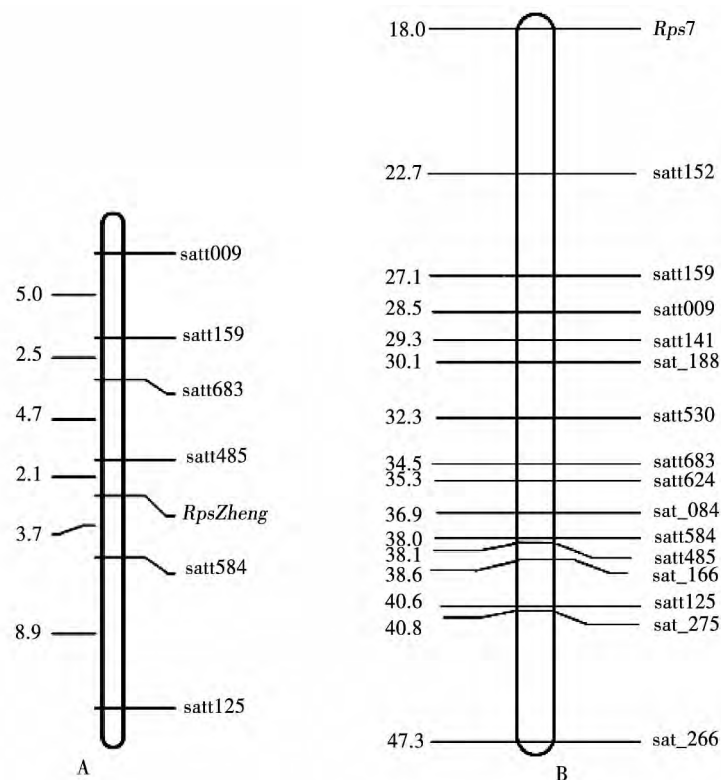


图 3 *RpsZheng* 定位图谱 (A) 和大豆 N 连锁群整合图谱 (B)

Location of *RpsZheng* on MLG N (A) and Linkage map of SSR markers (B)

3 讨 论

3.1 抗性鉴定评价

进行 SSR 标记分析时,抗感基因池的构建极为重要,需要对家系群体进行严格且准确的抗性鉴定。本试验参考 Gordon 等^[15]的抗性评价标准,并在此基础上进一步严格要求(接种疫霉菌株后植株存活率为 100% 的为纯合抗病,0% 的为纯合感病),且试验设置多个重复以保证鉴定结果的准确。

3.2 郑 97196 中抗性基因的定位

大豆对大豆疫霉的完全抗性是由一对显性单基因控制的^[24],至今国内外已发现多个抗疫霉基因,目前利用抗病品种是防治大豆疫霉根腐病的主要手段,但大豆疫霉菌株毒力基因极易变异,在选择压力下,抗病品种也可能因优势小种的变化而丧失抗性,成为感病品种,这样抗多个生理小种(或毒性类型)的多抗性种质对大豆疫霉根腐病抗病育种研究至关重要。

本研究中对大豆品种郑 97196 和 X242003 以及以它们为亲本的杂交组合衍生 F_{2:3} 家系进行的抗性鉴定结果表明:郑 97196 对大豆疫霉菌株 HeN35 表现为完全抗性,其抗病性是由显性单基因控制的质量性状。根据郑 97196 对 9 个供试菌株的反应类型

(表 2),推测它可能含有新的抗病基因,结果在郑 97196 上定位到了一个抗大豆疫霉 HeN35 的基因,位于大豆基因组 N 连锁群上,暂命名为 *RpsZheng*。观察本试验所得的连锁图谱与 Song 等^[25]整合的大豆遗传连锁图,标记 satt009 和 satt584 的位置有所改变,且各标记之间的距离也有所不同,这是由于不同的作图群体遗传背景的不同,所以作图的标记在连锁图上的位置及标记间的距离可能会存在差异,这些差异在以往的研究中均能看到^[26]。

3.3 *RpsZheng* 基因分析

SSR (simple sequence repeat) 即简单重复序列,具有以下优点:数量多;可检测单一的多等位基因位点;重复性高;操作简单。所以利用 SSR 技术进行基因定位是可靠的并被国内外研究者广泛的应用。目前利用 SSR 技术,国外定位到的位于大豆 N 连锁群上的抗大豆疫霉基因包括: *Rps7*、*Rps1* (1a、1d)。其中 *Rps1a* 位于 satt159 和 satt009 之间,与它们的距离分别为 0.7 和 3.2 cM^[27]; *Rps1d* 位于标记 satt152 和 sat_186 之间,距离分别为 11.5 和 5.7 cM^[28]; *Rps7* 位于 satt009 一侧,距离为 10.6 cM^[27]。从 Song 等^[25]整合的大豆公共连锁图谱上可以看出 *Rps1a*、*Rps1d* 和 *Rps7* 都位于 N 连锁群上端,而本研究定位到的 *RpsZheng* 位于连锁群中部,所以推测

RpsZheng 与 *Rps1* 或 *Rps7* 不是同一个位点。而国内也发现了位于 N 连锁群上的 *RpsYD25*、*Rps9*、*RpsYD29* 和 *RpsAH* 抗性基因。其中 *Rps9* 位于 *satt631* 和 *sat_186* 之间,距离分别为 7.5 和 4.3 cM^[29]; *RpsYD29* 位于 *sat_186* 和 *satt530* 之间,距离分别为 2.9 和 2.5 cM; *RpsYD25* 位于 *satt530* 和 *sat_084* 之间,距离分别为 6.3 和 7.7 cM^[26],对比公共连锁图谱,这 3 个基因都位于标记 *sat_084* 上方, *RpsAH* 位于 *sat_166* 下游,距离为 4.1 cM^[21],而 *RpsZheng* 位于 *sat_084* 下方和 *sat_166* 上方的 *satt485* 和 *satt584* 之间,所以推测 *RpsZheng* 与它们也不在同一位点,但这几个标记距离比较近,并且在抗感池间具有多态性的一个标记 *satt683* 位于 *satt530* 和 *sat_084* 之间,所以不排除基因连锁的可能。有研究表明植物抗病基因通常呈簇地分布在植物基因组的特殊区域内,构成一个序列具有高度相似性的可以识别不同毒力的病原菌的多基因家族^[30]。

对目标基因进行定位作图时,参与作图的群体必须达到一定的数量,群体太小会导致定位结果的不准确。本研究中作图群体为 211 个 $F_{2:3}$ 家系,群体数量较多,结果找到了与 *RpsZheng* 紧密连锁的位于大豆 N 连锁群的 SSR 标记 *satt485* 和 *satt584*。标记的可靠性和有效性是成功利用分子标记进行辅助选择的必要前提,通常用单个分子标记进行辅助选择时,标记与目的基因间的遗传距离不应超过 5 cM;用与目的基因连锁的两个侧翼标记进行选择,准确性将极大地提高^[31]。本研究中定位到的 *RpsZheng* 与两侧标记 *satt485* 和 *satt584* 之间的遗传距离分别为 2.1 和 3.7 cM,符合分子标记辅助选择的要求。

4 结 论

大豆品种郑 97196 对大豆疫霉的抗性是由一对显性单基因控制的完全抗性,暂将该基因命名为 *RpsZheng*,被定位于大豆 3 号染色体 N 连锁群,位于标记 *satt485* 和 *satt584* 之间,与这两个标记的遗传距离分别为 2.1 和 3.7 cM。郑 97196 对国内多个疫霉生理小种具有抗性,其抗性基因的鉴定和作图,为国内大豆抗疫霉育种提供了良好的材料。

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]. Canadian Journal of Plant Pathology, 2001, 23 (2): 115-121.
- [2] Wrather J A, Koenning S R. Estimates of disease effects on soybean yields in the United States 2003 to 2005 [J]. Journal of Nematology, 2006, 38(2): 173-180.
- [3] Schmitthenner A F. Problem and progress in control of *Phytophthora* root rot of soybean [J]. Plant Disease, 1985, 69 (4): 362-368.
- [4] 陈庆河,翁启勇,王源超,等. 福建省大豆疫病病原菌鉴定及其核糖体 DNA-ITS 序列分析[J]. 植物病理学报, 2004, 34 (2): 112-116. (Cheng Q H, Weng Q Y, Wang Y C, et al. *Phytophthora* pathogen identification and ribosomal DNA-ITS sequence in Fujian [J]. Acta Phytopathologica Sinica, 2004, 34(2): 112-116.)
- [5] 王华,李国英,战勇,等. 新疆大豆疫霉根腐病疫病鉴定初报[J]. 新疆农业科学, 2006, 43(2): 106-108. (Wang H, Li G Y, Zhan Y, et al. *Phytophthora* root rot disease identification preliminary report in Xinjiang [J]. Xinjiang Agricultural Sciences, 2006, 43(2): 106-108.)
- [6] 王子迎,王源超,张正光,等. 中国和美国大豆疫霉群体遗传结构的 ISSR 分析[J]. 生物多样性, 2007, 15(3): 215-223. (Wang Z Y, Wang Y C, Zhang Z G, et al. ISSR analysis of Chinese and American soybean *Phytophthora* population genetic structure [J]. Biodiversity Science, 2007, 15(3): 215-223.)
- [7] Dorrance A E, McClure S A, Silva A. Pathogenic diversity of *Phytophthora sojae* in Ohio soybean fields [J]. Plant Disease, 2006, 19(87): 139-146.
- [8] Gordon S G, Kowitwanich K, Pipatpongpinoy W, et al. Molecular marker analysis of soybean plant introductions with resistance to *Phytophthora sojae* [J]. Phytopathology, 2007, 97(1): 113-118.
- [9] Kilen T C, Hartwig E E, Keeling B L. Inheritance of a second major gene for resistance to *Phytophthora* root rot in soybeans [J]. Crop Science, 1974, 14(2): 260-262.
- [10] Mueller E H, Athow K L, Laviolette F A. Inheritance of resistance to four physiologic races of *Phytophthora megasperma* var. *sojae* [J]. Phytopathology, 1978, 68(9): 1318-1322.
- [11] Athow K L, Laviolette F A, Mueller E H, et al. A new major gene for resistance to *Phytophthora megasperma* var. *sojae* in soybean [J]. Phytopathology, 1980, 70(10): 977-980.
- [12] Buzzell R I, Anderson T R. Another major gene for resistance to *Phytophthora megasperma* var. *sojae* in soybean [J]. Soybean Genet Newsl, 1981, 18(1): 30-33.
- [13] Athow K L, Laviolette F A. *Rps6*, a major gene for resistance to *Phytophthora megasperma* f. Sp. *glycinea* in soybean [J]. Phytopathology, 1982, 72(12): 1564-1567.
- [14] Anderson T R, Buzzell R I. Inheritance and linkage of the *Rps7* gene for resistance to *Phytophthora* rot of soybean [J]. Plant Disease, 1992, 76(9): 958-959.
- [15] 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 Science, 2006, 46(1): 168-173.
- [16] Sandhu D, Schallock K G, Rivera-Velez N, et al. Soybean *Phytophthora* resistance gene *Rps8* maps closely to the *Rps3* region [J].

- Journal of Heredity , 2005 , 96(5) : 536-541.
- [17] Sugimoto T , Yoshida S , Kaga A , et al. Genetic analysis and identification of DNA markers linked to a novel *Phytophthora sojae* resistance gene in the Japanese soybean cultivar [J]. Euphytica , 2011 , 182(1) : 133-145.
- [18] Zhu Z D , Wang H B , Wang X M , et al. Distribution and virulence diversity of *Phytophthora sojae* in China [J]. Agricultural Sciences in China , 2003 , 36(7) : 793-799.
- [19] Zhu Z D , Wang X M , Chang R Z , et al. Identification of races of *Phytophthora sojae* and reaction of soybean germplasm resources in Heilongjiang province [J]. Agricultural Sciences in China , 2000 , 33(1) : 62-67.
- [20] Chen X L , Zhu Z D , Wang X M. Postulation of *Phytophthora* resistance genes in soybean cultivars or lines [J]. Agricultural Sciences in China , 2008 , 41(4) : 1227-1234.
- [21] 郭娜, 胡冠军, 赵晋铭, 等. 一对单显性大豆抗疫霉根腐病基因的遗传分析及定位 [J]. 南京农业大学学报, 2015 , 38(4) : 532-537. (Guo N , Hu G J , Zhao J M , et al. A pair of *Phytophthora* root rot of soybean single dominant genetic analysis and gene mapping [J]. Journal of Nanjing Agricultural University , 2015 , 38(4) : 532-537.)
- [22] Keim P , Olson T C , Shoemaker R C. A rapid protocol for isolating soybean DNA [J]. Soybean Genetics Newsletter , 1988 , 15(1) : 150-152.
- [23] 刘仁虎, 孟金陵. Map Draw , 在 Excel 中绘制遗传连锁图的宏 [J]. 遗传 , 2003 , 25(3) : 317-321. (Liu R H , Meng J L. Map-Draw: A microsoft Excel Macro for drawing genetic linkage maps based on given genetic linkage data [J]. Hereditas , 2003 , 25(3) : 317-321.)
- [24] Lin F , Zhao M , Ping J , et al. Molecular mapping of two genes conferring resistance to *Phytophthora sojae* in a soybean landrace PI567139B [J]. Theoretical and Applied Genetics , 2013 , 126(8) : 2177-2185.
- [25] Song Q J , Marek L F , Shoemaker R C , et al. A new integrated genetic linkage map of the soybean [J]. Theoretical and Applied Genetics , 2004 , 109(1) : 122-128.
- [26] 范爱颖, 王晓鸣, 方小平, 等. 大豆品种豫豆 25 抗疫霉根腐病基因的鉴定 [J]. 作物学报, 2009 , 35(10) : 1844-1850. (Fan A Y , Wang X M , Fang X P , et al. Molecular identification of *Phytophthora* resistance gene in soybean cultivar Yudou 25 [J]. Acta Agronomica Sinica , 2009 , 35(10) : 1844-1850.)
- [27] Weng C , Yu K , Anderson T R , et al. Mapping genes conferring resistance to *Phytophthora* root rot of soybean , *Rps1a* and *Rps7* [J]. Journal of Heredity , 2001 , 92(5) : 442-446.
- [28] Sugimoto T , Yoshida S , Watanabe K , et al. Identification of SSR markers linked to the *Phytophthora* resistance gene *Rps1-d* in soybean [J]. Plant Breeding , 2008 , 127(127) : 154-159.
- [29] Wu X L , Zhang B Q , Zhao J M , et al. Identification , genetic analysis and mapping of resistance to *Phytophthora sojae* of Pm28 in soybean [J]. Agricultural Sciences in China , 2011 , 10(10) : 1506-1511.
- [30] 刘云飞, 万红建, 韦艳萍, 等. 番茄 NBS-LRR 抗病基因家族全基因组分析 [J]. 核农学报, 2014 , 28(5) : 790-799. (Liu Y F , Wan J H , Wei Y P , et al. Tomato NBS-LRR resistance gene family whole genome analysis [J]. Acta Agriculturae Nucleatae Sinica , 2014 , 28(5) : 790-799.)
- [31] Bertrand C Y , Collard and David J. Marker-assisted selection: An approach for precision plant breeding in the twenty-first century [J]. Philosophical Transactions of the Royal Society B-Biological Sciences , 2008 , 363(363) : 557-572.

农业结构调整开局良好 玉米少了大豆多了

农业部 5 月 5 日举行的新闻发布会上指出: 以种植业、畜牧业、渔业结构调整为重点的农业结构调整取得积极进展, 实现良好开局。预计今年玉米意向种植面积调减 2 000 万亩以上, 大豆面积增加 600 多万亩, 市场上需求较旺的品种如杂粮杂豆呈增加趋势, 青贮玉米和优质饲草面积增加; 水稻、小麦等口粮品种保持稳定。

农业部副部长余欣荣表示, 农业结构调整总体思路是以市场需求为导向, 以深化农村改革为动力, 以绿色发展、提质增效、探索机制为方向, 强化农业科技支撑, 统筹稳产能、保供给、保生态, 增强供给结构对需求变化的适应性和灵活性, 不断提高农业发展的质量效益和竞争力。

玉米调减是当前种植业调整的重点, 也是广大农民关心的热点。玉米调整将坚持“保产能、适当调、产业化”。保产能, 就是巩固提升优势产区, 加强基础设施建设, 确保玉米生产能力。适当调, 就是适当调减非优势区域的玉米面积, 全国 5 年调减 5 000 万亩以上, 鼓励农民将退出的玉米改种市场需要、效益较好的其他作物。产业化就是促进玉米转化加工, 发展精深加工业、延长产业链条。农业部已会同财政部整合 32.5 亿元资金支持玉米结构调整, 重点用于补助发展粮改饲和粮豆轮作。

畜牧业结构调整的重点是生猪优化布局和推进草食畜牧业发展。农业部将引导生猪养殖向玉米主产区 and 环境容量大的地区转移, 同时加快发展标准化规模养殖, 推进废弃物综合利用和无害化处理。以生猪养殖大县为重点, 启动畜牧业绿色发展示范县创建活动, 发展生态循环养殖。今年中央财政加大支持力度, 将粮改饲试点范围扩大到整个“镰刀弯”地区和黄淮海玉米主产区, 试点县从 30 个增加到 100 个。

在渔业结构调整方面, 重点是保护资源和减量增收。近年来, 由于环境污染和过度捕捞, 海洋渔业资源持续衰退, 内陆水域的淡水渔业资源也在严重衰退。目前水产品市场供给充足, 但四大家鱼等传统水产品供给过剩, 渔业进入了“卖鱼难”的新常态。渔业部门正在大力推进渔业转型升级, 通过不断优化水产品生产结构, 让水产品能够“养出来、卖出去、吃起来”, 满足居民消费结构快速升级的需要。

转自《人民日报》