



黑龙江省北部地区大豆种质对疫霉根腐病抗性评价

张 武¹, 李春杰², 焦晓丹³, 杨 树¹, 项 鹏¹, 吴俊彦¹, 李艳杰¹, 战丽莉⁴

(1. 黑龙江农业科学院 黑河分院, 黑龙江 黑河 164300; 2. 中国科学院 东北地理与农业生态研究所/大豆分子设计育种重点实验室, 黑龙江 哈尔滨 150081; 3. 黑龙江省植检植保站, 黑龙江 哈尔滨 150036; 4. 黑河学院 理学院, 黑龙江 黑河 164300)

摘 要: 为了明确黑龙江省北部地区大豆种质资源对大豆疫霉根腐病的抗耐情况, 采用下胚轴创伤接种法, 对适宜该地区种植的 113 份大豆育成品种或育种材料的大豆疫霉根腐病抗性开展鉴定。结果显示: 共鉴定出 7 份抗病种质, 占鉴定总数的 6.19%; 5 份中间类型种质, 占鉴定总数的 4.42%。其中, 从第三积温带种质中鉴定出 1 份抗病种质, 中间类型种质 1 份; 从第四积温带种质中鉴定出抗性种质 3 份, 中间类型种质 2 份; 从第五积温带种质中鉴定出抗性种质 1 份, 中间类型种质 2 份; 从第六积温带种质中鉴定出抗性种质 2 份, 未见中间类型种质。结果表明在不同积温带参试材料中均存在抗性种质。该研究结果为黑龙江省北部地区培育和利用抗疫霉根腐病大豆种质提供了参考。

关键词: 大豆疫霉根腐病; 大豆种质资源; 抗病性鉴定; 黑龙江省北部地区

Resistance Evaluation of Soybean Germplasm Resources to *Phytophthora* Root Rot in Northern Heilongjiang

ZHANG Wu¹, LI Chunjie², JIAO Xiaodan³, YANG Shu¹, XIANG Peng¹, WU Junyan¹, LI Yanjie¹, ZHAN Lili⁴

(1. Heihe Branch, Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences, Heihe 164300, China; 2. Northeast Institute of Geography and Agroecology/Key Laboratory of Soybean Molecular Design Breeding, Chinese Academy of Sciences, Harbin 150081, China; 3. Plant Inspection and Protection Station of Heilongjiang Province, Harbin 150036, China; 4. Faculty of Science, College of Science of Heihe University, Heihe 164300, China)

Abstract: In order to explore soybean germplasm resources resistant to *Phytophthora* root rot in northern region of Heilongjiang province, 113 soybean varieties and breeding materials were identified by wound inoculation on soybean hypocotyl. The result showed that seven soybean resistant germplasms were screened, accounting for 6.19% of the total identified soybean, and five medium resistance germplasms were obtained, accounting for 4.42% of the total identified soybean. Among them, one resistant germplasms and one medium resistant germplasms were identified from the third accumulated temperature zone varieties. Three resistant resources and two medium resistant germplasms were obtained from the fourth accumulated temperature zone varieties. One resistant germplasm and two medium resistant germplasms were screened from the fifth accumulated temperature zone varieties. Two resistant resources were identified from the sixth accumulated temperature zone varieties, but no medium resistant germplasms were found. Therefore, resistant germplasms were already obtained from different accumulated temperature zones. The results provide a reference for the breeding and utilization of soybean germplasm with resistance to *Phytophthora* root rot in northern Heilongjiang.

Keywords: *Phytophthora* root rot; soybean germplasm resources; resistance screening; the northern region of Heilongjiang province

大豆疫霉根腐病 (*Phytophthora* Root Rot, PRR) 又称大豆疫病、大豆疫霉病, 该病是由大豆疫霉菌 (*Phytophthora sojae*) 引起的一种毁灭性土传病害。1948 年首次发现于美国的印地安那州, 目前在世界各主要大豆生产国都有该病发生的报道。20 世纪 50 年代该病曾成为美国大豆能否继续种植下去的关键因素。我国自 1989 年在东北地区大豆田首次分离到大豆疫霉菌^[1]。现已在黑龙江、吉林、辽宁、内蒙古自治区、北京、天津、四川、山东、河南、安徽、湖北、江苏、浙江、福建、新疆等 16 个大豆产区相继发现该病原菌^[2-8]。2003 年许修宏等^[9]从黑龙江省

和吉林省鉴定到了大豆疫霉的 1 号、3 号和 8 号生理小种, 其中 1 号小种为优势小种。2008 年张淑珍等^[10]对黑龙江省大豆疫霉的毒力进行鉴定, 发现 1 号、3 号、15 号和 17 号 4 个生理小种, 其中 1 号小种仍为黑龙江省的流行优势小种, 15 号小种为中国首次报道。大豆疫霉是一种土传病原卵菌, 可以在土壤或病残体中越冬成为翌年传染源, 并通过黏着在种子表面进行远距离传播。大豆疫霉能侵染大豆的任何部位, 且大豆疫霉根腐病在大豆全生育阶段均可发生^[11], 一旦发生, 由点到面, 迅速传播, 严重地块可造成绝产, 并且下二茬或下三茬种植大豆

收稿日期: 2023-12-24

基金项目: 黑龙江省第二批种业创新发展项目 (大豆主栽品种对大豆疫霉根腐病抗性鉴定); 黑龙江“揭榜挂帅”科技攻关项目 (2021ZXJ05B011); 国家大豆产业技术体系东北特早熟育种岗 (CARS-04-05B); 黑龙江自然科学基金 (LH2020C075)。

第一作者: 张武 (1983—), 男, 硕士, 副研究员, 主要从事大豆植物保护方面研究。E-mail: guoguo_zw@163.com。

通讯作者: 李春杰 (1976—), 女, 博士, 研究员, 主要从事农作物病虫害生物生态控制机理和应用研究。E-mail: lichunjie@iga.ac.cn。

极易造成该病的大面积发生。

大豆疫霉可以通过土壤、水流和空气在田间扩散,对许多传统的杀菌剂不敏感且容易产生抗药性,不易防治。利用抗病品种防控该病是最为经济有效的方法^[12],而筛选抗病种质资源是培育高效抗大豆疫霉病品种的关键环节和前提条件。大豆与大豆疫霉菌是典型的“基因对基因”关系,但随着大豆抗病品种的连续种植,会对大豆疫霉菌造成选择压力,同时由于大豆疫霉菌自身毒性的高变异性,即生理小种容易变异,造成抗病品种极易在种植 8~15 年后抗性减弱甚至抗性丧失^[13-14]。因此,需要不断挖掘新的抗病材料,以对抗性品种的极度缺乏,同时对培育新的抗病品种具有重要的意义。本研究通过对收集到的适合黑龙江省北部地区种植的 113 份大豆种质进行鉴定,比较和分析不同种质的抗性差异,为黑龙江省北部地区大豆抗病育种提供有价值的材料,并为疫霉根腐病发生区种植大豆品种的选择提供可靠参考。

1 材料与方法

1.1 材料

1.1.1 大豆材料 113 份大豆种质由黑龙江农业科学院黑河分院大豆育种研究室提供,主要来源于黑龙江北部地区,所属积温带信息如表 1 所示。

1.1.2 大豆疫霉菌 接种所用的大豆疫霉菌 (*P. sojae*) 为东北地区流行的优势小种—1 号生理小种 (Race 1),由南京农业大学提供试管斜面保存的菌种。

1.2 方法

1.2.1 培养基的制备 10% V8-碳酸钙培养基: 100 mL V8 蔬菜汁加入去离子水 900 mL,加入 0.2 g CaCO₃和 20 g 琼脂粉,搅拌均匀,120 ℃ 蒸汽灭菌 20 min 后,置于超净工作台进行冷却,将培养基倒入已灭菌的培养皿(直径为 90 mm),培养基厚度 0.3~0.5 cm 为宜,冷却后备用^[15]。

1.2.2 病原菌活化与扩繁 在无菌条件下操作,用接种环挑取 0.5 cm²左右大豆疫霉菌斜面试管的边缘菌落,接于含有 10% V8 培养基的平皿中央,用封口膜封口后倒置于 25 ℃ 培养箱中暗培养,每天观察病原菌生长情况,当菌落长满培养皿时备用。

1.2.3 大豆的种植 将健康的大豆播种在已灭菌蛭石为基质的直径 × 深度 = 18 cm × 15 cm 的花盆中。用 1% NaClO 表面消毒种子,每盆播种 14 粒,出苗后 7 d 每个种质选取长势均匀一致的 10 株进行接种。分别在播种 0 d、播种 3 d 和接种前,共浇透水 3 次。播种后控制温室温度为 21~25 ℃,光照 14 h · d⁻¹。

1.2.4 接种方法与抗性评价 采用下胚轴创伤接种法^[16]进行接种。在大豆真叶平展时,用灭菌的手术刀片在大豆子叶节下约 1 cm 划一处伤口,伤口长度约 1 cm,深度以不超过大豆茎粗的 1/3 且伤口能看见组织液为宜。选取培养 4~7 d 的活性强的边缘菌落,切成 5 mm²左右带培养基的菌块紧密贴在伤口,菌丝面朝向植株侧,接种后用封口膜缠绕保湿 48 h,转入温室 21~25 ℃ 培养,正常条件生长。以感病品种合丰 25 作为对照,每个处理重复 3 次,每个处理 30 株,接种后 5~6 d,即表型稳定后进行病情调查。接种后,感病植株很快萎蔫,植株从接种部位折断或全株萎蔫,全株死亡;抗病植株仅在下胚轴伤口处局部变褐,植株正常生长^[17]。参照朱振东等^[18]的抗性评价标准进行病情调查:植株死亡率 ≥ 70% 视为感病类型 (S),死亡率为 30%~70% 为中间类型 (M),死亡率在 30% 以下为抗病类型 (R)。鉴定为抗病或中间类型品种 (系) 进行 2~3 次重复鉴定。

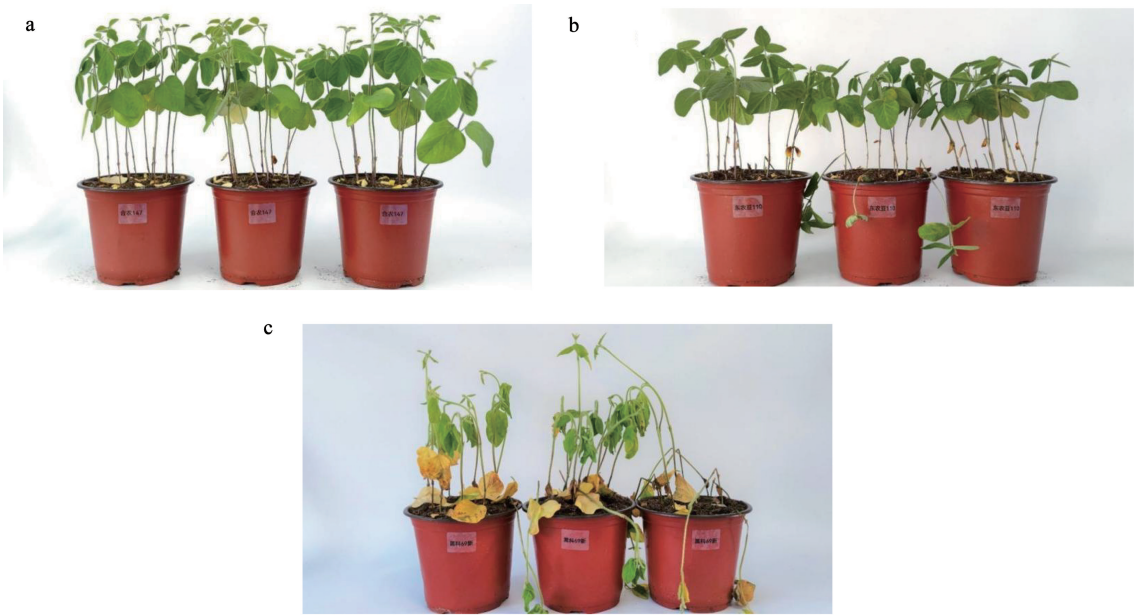
1.3 数据分析

利用 Excel 2019 软件计算植株的平均死亡率。

2 结果与分析

2.1 黑龙江省北部地区大豆种质对大豆疫霉根腐病的反应表型

大豆接种疫霉菌 6 d 后,种质间植株表型差异非常明显,抗感症状如图 1 所示。抗病种质接种疫霉菌后仅有少部分植株出现发病症状,有些植株仅在接种处周围出现小面积褐色坏死反应,甚至未对植株生长造成明显的影响(图 1a);中间类型种质接种疫霉菌后,部分植株出现发病症状,茎部折断或整株干枯死亡植株为 30%~70%(图 1b);感病种质接种疫霉菌后超过 70% 以上植株在接菌后茎部折断或整株干枯死亡(图 1c)。



注:a. 抗病类型(R);b. 中间类型(M);c. 感病类型(S)。
Note: a. Resistant phenotype(R); b. Medium phenotype(M); c. Susceptible phenotype(S).

图1 大豆种质资源被接种疫霉菌后的表型反应

Fig. 1 Phenotypic responses of soybean germplasm resources inoculated *P. sojae*

2.2 黑龙江省北部地区大豆种质对大豆疫霉根腐病的抗性鉴定

如表1所示,113个种质中绝大部分表现感病,接种6 d后的大豆苗70%以上死亡,甚至全部死亡,仅有少数表现为抗病。统计结果表明:113份大豆

种质资源中有7份植株死亡率低于30%,表现为抗病,占鉴定总数的6.19%;有5份种质植株死亡率为30%~70%,表现为中间类型,占鉴定总数的4.42%;有101份种质死亡率在70%以上,表现为感病,占鉴定总数的89.38%。

表1 大豆种质资源对大豆疫霉菌的抗性鉴定

Table 1 *P. sojae* resistance identification of soybean germplasm resources

积温带信息 Accumulated temperature zone	种质名称 Germplasm name	死亡率 Mortality rate/%	反应类型 Reaction type	积温带信息 Accumulated temperature zone	种质名称 Germplasm name	死亡率 Mortality rate/%	反应类型 Reaction type
第三积温带 Third accumulated temperature zone	蒙豆315	6.67	抗(R)	第五积温带 Fifth accumulated temperature zone	华莱豆3	100.00	感(S)
	东农豆110	56.67	中间类型(M)		华莱豆2	100.00	感(S)
	九研40	73.33	感(S)		黑科88	100.00	感(S)
	吉育7514	70.00	感(S)		黑河43	100.00	感(S)
	五豆199	76.67	感(S)		贺豆1	100.00	感(S)
	克豆94	76.67	感(S)		合农95	100.00	感(S)
	北源18	80.00	感(S)		峰豆3	100.00	感(S)
	中黄629	83.33	感(S)		东生710	100.00	感(S)
	田农4	86.67	感(S)		东晋53	100.00	感(S)
	齐农32	86.67	感(S)		北豆47	100.00	感(S)
	贺农401	86.67	感(S)		龙达1	0.00	抗(R)
	克豆77	90.00	感(S)		圣豆73	33.33	中间类型(M)
	黑农312	90.00	感(S)		齐农66	63.33	中间类型(M)
	合农124	93.33	感(S)		黑科97	73.33	感(S)
	中黄642	100.00	感(S)		中作HHJ21097	76.67	感(S)

2.3 大豆疫霉根腐病抗性种质在不同积温带的分布

基于不同积温带大豆种质资源对大豆疫霉根腐病反应表型进行分析,结果如表 2 所示,在 113 份大豆种质资源中,第三积温带种质 23 份,占总检测量的 20.35%。其中,抗性类型 1 份,占第三积温带检测种质的 4.35%;中间类型 1 份,占第三积温带检测种质的 4.35%;感病类型 21 份,占第三积温带检测种质的 91.3%。

第四积温带种质 44 份,占总检测量的 38.94%。其中,抗性类型 3 份,占第四积温带检测种质的 6.82%;中间类型种质 2 份,占第四积温带检测种质

的 4.55%;感病类型 39 份,占第四积温带检测种质的 88.64%。

第五积温带种质 32 份,占总检测量的 28.32%。其中,抗性类型 1 份,占第五积温带检测种质的 3.13%;中间类型种质 2 份,占第五积温带检测种质的 6.25%;感病类型 29 份,占第五积温带检测种质的 90.63%。

第六积温带种质 14 份,占总检测量的 12.39%。其中,抗性类型 2 份,占第六积温带检测种质的 14.29%;感病类型 12 份,占第六积温带检测种质的 85.71%,未检出中间类型。

表 2 大豆疫霉根腐病的抗性种质资源在不同积温带的分布

Table 2 Distribution of soybean germplasm resources resistant to <i>P. sojae</i> in different accumulated temperature zone							
积温带 Accumulated temperature zone	种质数量 Germplasms number	抗性类型 Resistant type		中间类型 Medium type		感病类型 Susceptible type	
		数量	占比	数量	占比	数量	占比
		Number	Percentage/%	Number	Percentage/%	Number	Percentage/%
第三积温带 Third accumulated temperature zone	23	1	4.35	1	4.35	21	91.30
第四积温带 Fourth accumulated temperature zone	44	3	6.83	2	4.55	39	88.64
第五积温带 Fifth accumulated temperature zone	32	1	3.13	2	6.25	29	90.63
第六积温带 Sixth accumulated temperate zone	14	2	14.29	0	0	12	85.71

3 讨论

近年来科研工作者在抗大豆疫霉根腐病种质资源筛选方面进行了大量的工作。1996 年 Lohnes 等^[19]对我国的 726 份大豆种质资源进行筛选,发现我国拥有丰富的抗大豆疫霉根腐病的种质资源。1999 年许修宏等^[20]对东北三省的大豆种质资源抗病性进行筛选,发现 28.3% 的种质资源对本地菌株 (Race1) 表现抗性,表明我国东北地区的抗病种质资源很丰富。2001 年王晓鸣等^[21]利用 Race1 对 1 000 余份大豆进行抗性筛选,结果表明长江流域及黄淮流域具有丰富的抗大豆疫霉根腐病种质资源,而东北地区的抗性资源比率为 34.5%,较长江流域低 50.06%,较黄淮海地区低 36.2%。其中黑龙江 32.9% 的大豆种质资源对大豆疫霉根腐病表现为抗

性。武晓玲^[11]采用 3 个不同毒力类型的大豆疫霉菌株对 611 份大豆种质资源进行检测,发现黄淮海地区抗性种质最多,抗 3 个菌株种质资源较多的省份依次为江苏、河南、山东和安徽,按区域划分,东北地区抗性资源相对较少。以上研究表明虽然我国有丰富的抗大豆疫霉根腐病种质资源,但黑龙江省抗病种质资源相对较缺乏,需要深入挖掘抗大豆疫霉根腐病的种质资源及重视选育抗病资源。

虽然本研究在黑龙江省不同积温带的大豆种质资源中均发现了抗病种质,但是关于这些抗病种质的父母本之间又有哪些亲缘关系还不清楚,这些抗病材料中是否含有目前已报道的抗性基因 (如 *Rsp1a*、*Rsp1b*、*Rsp1c*、*Rsp1d*、*Rsp1k*、*Rsp2*、*Rsp3a*、*Rsp3b*、*Rsp3c*、*Rsp4*、*Rsp5* *Rsp6*、*Rsp7* 和 *Rsp8* 基因) 还需明确,特别是大豆种质资源中是否含有 *Rsp1a*、

Rsp1c、*Rsp1k* 这 3 个可以有效抵御我国的大豆疫霉种群的基因^[22]。同时,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^[23],该研究筛选出的抗病种质属于哪种抗性还是未知,还需利用具有不同毒力类型的大豆疫霉菌株进行鉴定,以期明确和筛选出具有新的抗病基因和多基因组合的抗病品种^[24]。在生产中选用抗病品种是防治大豆疫霉根腐病最经济有效的方法,但是在病原菌与寄主抗病长期互作的过程中,因选择压力,大豆疫霉菌毒力会发生变异,新的生理小种不断出现,容易造成具有单一抗性品种的抗性减弱甚至消失的现象。因此,在生产中应在密切监测大豆疫霉根腐病生理小种变化的同时,筛选出对多个生理小种具有抗性的大豆种质资源,以适应在具有多个生理小种病原菌的农业土壤环境中种植。

对大豆疫霉根腐病的抗性鉴定方法有多种^[25],在不同大豆生长阶段其抗性鉴定采用的接种方法不同,如田间病圃法、室内下胚轴创伤接种法、黄化苗下胚轴接种法、莢期喷施病原孢子法、游动孢子悬浮液接种法、游动孢子水培循环法、匀浆注射法、土壤拌菌法^[26-27]。本研究采用下胚轴创伤接种法,室内保温保湿条件下进行盆栽试验,均为病原菌创造了有利的浸染环境,而在田间不会每株大豆根部都有伤口,土壤温湿度也会影响该病发生与否和发生程度,由此推测在自然发病的田间表现出的抗性资源可能会多于本研究结果。另外,因收集到的适宜黑龙江省各积温带的大豆种质资源还不够全面,遗漏的资源中可能还会有抗病种质。总之,本研究结果可为黑龙江省北部地区不同积温带大豆疫霉根腐病发生区的大豆品种的合理布局、抗大豆疫霉根腐病育种和大豆疫霉根腐病的防控提供参考和理论依据。同时,也为大豆疫霉根腐病的抗性遗传研究提供非常有价值的材料。但是,该研究筛选出的抗病种质对大豆疫霉根腐病病原菌的其他生理小种是否存在抗性还不清楚,通过筛选并获得抗多个生理小种的大豆种质资源,以适应疫霉菌变异和田间环境变化是非常必要的。因此,鉴于生产实践,关于大豆对疫霉根腐病的抗性评价还需要大量的田间鉴定工作。

4 结论

本研究采用大豆疫霉 Race1 生理小种对 113 份大豆种质资源的抗性进行鉴定,结果发现在黑龙江

省每个积温带种植的供试大豆中均有抗性资源,虽然抗性种质资源占 6.19%,中间型占 4.42%,所占比率较低,但是一旦某积温带大豆疫霉根腐病发生严重时,均能找到相应有效的抗性资源。

参考文献

[1] 沈崇尧,苏彦纯. 中国大豆疫霉病菌的发现及初步研究[J]. 植物病理学报, 1991, 21(4): 298. (SHEN C Y, SU Y C. Discovery and preliminary studies of *Phytophthora megasperma* on soybean in China[J]. Acta Phytopathologica Sinica, 1991, 21(4): 298.)

[2] 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[J]. 植物病理学报, 1993, 23(4): 55-61. (SU Y C, SHEN C Y. The discovery and biological characteristics studies of *Phytophthora megasperma* f. sp. *glycinea* on soybean in China[J]. Acta Phytopathologica Sinica, 1993, 23(4): 55-61.)

[3] 陈申宽,闫任沛,王秋荣,等. 呼伦贝尔盟大豆疫霉根腐病的发生及防治技术研究[J]. 内蒙古民族大学学报(自然科学版), 2002, 17(3): 223-227. (CHEN S K, YAN R P, WANG Q R, et al. Study on technology of preventative curing and incidence of *Phytophthora megasperma* in Holonboir League[J]. Journal of Inner Mongolia University for Nationalities (Natural Sciences, Quarterly), 2002, 17(3): 223-227.)

[4] 朱振东,王化波,王晓鸣,等. 中国大豆疫霉菌分布及毒力多样性研究[J]. 中国农业科学, 2003, 36(7): 793-799. (ZHU Z D, WANG H B, WANG X M, et al. Distribution and virulence diversity of *Phytophthora sojae* in China[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2003, 36(7): 793-799.)

[5] 陈庆河,翁启勇,王源超,等. 福建省大豆疫病病原鉴定及其核糖体 DNA-ITS 序列分析[J]. 植物病理学报, 2004, 34(2): 112-116. (CHEN Q H, WENG Q Y, WANG Y C, et al. Identification and sequencing of ribosomal DNA-ITS of *Phytophthora sojae* in Fujian[J]. Acta Phytopathologica Sinica, 2004, 34(2): 112-116.)

[6] 叶晨晨. 河南省大豆疫霉的分离及鉴定[D]. 合肥:安徽农业大学, 2011. (YE C C. Isolation and identification of *Phytophthora sojae* from Henan Province[D]. Hefei: Anhui Agricultural University, 2011.)

[7] 唐庆华,崔林开,苗苗,等. 我国部分地区大豆疫霉群体遗传分析[J]. 南京农业大学学报, 2011, 34(2): 73-77. (TANG Q H, CUI L K, MIAO M, et al. Genetic structure analysis of *Phytophthora sojae* population from several provinces in China[J]. Journal of Nanjing Agricultural University, 2011, 34(2): 73-77.)

[8] 冷冰雪. 安徽宿州地区大豆疫霉的分离与鉴定[D]. 合肥:安徽农业大学, 2015. (LENG B X. Isolation and identification of *phytophthora sojae* in Suzhou of Anhui province[D]. Hefei: Anhui Agricultural University, 2015.)

[9] 许修宏,吕慧颖,曲娟娟,等. 大豆疫霉根腐病菌生理小种鉴定及毒性分析[J]. 植物保护学报, 2003, 30(2): 125-128.

(XU X H, LU H Y, QU J J, et al. *Phytophthora sojae* races in Northeast of China and the virulence evaluation of the isolates[J]. Journal of Plant Protection, 2003, 30(2): 125-128.)

[10] 张淑珍, 吴俊江, 徐鹏飞, 等. 黑龙江省大豆疫霉根腐病菌毒力类型及 15 号小种的首次报道[J]. 中国油料作物学报, 2008, 30(2): 229-234. (ZHANG S Z, WU J J, XU P F, et al. Identification of virulence *Phytophthora sojae* in Heilongjiang province and the first report on race 15 in China[J]. Chinese Journal of Oil Crop Sciences, 2008, 30(2): 229-234.)

[11] 武晓玲. 大豆疫霉根腐病抗性评价、基因定位及抗性相关基因的筛选[D]. 南京: 南京农业大学, 2009. (WU X L. Studies on resistance evaluation, gene mapping and resistance related genes to *P. sojae* in soybean[D]. Nanjing: Nanjing Agricultural University, 2009.)

[12] SCHMITTHENNER A F. Problems and progress in control of *Phytophthora* root rot of soybean[J]. Plant Disease, 1985, 69(4): 362.

[13] 郝中娜, 文景芝, 李永刚. 大豆疫霉根腐病菌单游动孢子的毒性遗传与变异[J]. 植物病理学报, 2003, 33(4): 347-352. (HAO Z N, WEN J Z, LI Y G. Inheritance and variation in virulence of single-zoospore of *Phytophthora sojae* [J]. Acta Phytopathologica Sinica, 2003, 33(4): 347-352.)

[14] 杨瑾, 汪孝璐, 叶文武, 等. 黄淮海地区大豆种质资源对疫霉根腐病的抗性鉴定[J]. 大豆科学, 2020, 39(1): 12-22. (YANG J, WANG X M, YE W W, et al. Identification of soybean resistance to *Phytophthora sojae* in the germplasm resources from Huanghuaihai region of China [J]. Soybean Science, 2020, 39(1): 12-22.)

[15] 王帅. 东北地区大豆抗疫霉根腐病资源鉴定及抗病基因关联分析[D]. 延吉: 延边大学, 2020. (WANG S. Evaluation of resistance to *Phytophthora* root rot in soybeans from Northeast China and association mapping of resistance genes [D]. Yanji: Yanbian University, 2020.)

[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] 马淑梅, 丁俊杰, 郑天琪, 等. 黑龙江省大豆疫霉根腐病生理小种鉴定结果[J]. 大豆科学, 2005, 24(4): 260-262. (MA S M, DING J J, ZHENG T Q, et al. The identification of physiological races of *Phytophthora megasperma* [J]. Soybean Science, 2005, 24(4): 260-262.)

[18] 朱振东, 王化波, 王晓鸣, 等. 黑龙江省主要栽培大豆品种(系)对大豆疫霉根腐病的多抗性评价[J]. 植物遗传资源学报, 2004, 5(1): 22-25. (ZHU Z D, WANG H B, WANG X M, et al. Response of soybean cultivars or lines developed in Heilongjiang province to five strains of *Phytophthora sojae* [J]. Journal of Plant Genetic Resources, 2004, 5(1): 22-25.)

[19] LOHNES D G, NICKELL C D, SCHMITTHENNER A F. Origin of soybean alleles for *Phytophthora* resistance in China[J]. Crop Science, 1996, 36(6): 1689-1692.

[20] 许修宏, 吕慧颖, 杨庆凯, 等. 大豆疫霉根腐病抗源筛选[J]. 大豆科学, 1999, 18(2): 147-150. (XU X H, LYU H Y, YANG Q K, et al. Screening of resistance sources to *Phytophthora sojae* root rot[J]. Soybean Science, 1999, 18(2): 147-150.)

[21] 王晓鸣, 朱振东, 王化波, 等. 中国大豆疫霉根腐病和大豆种质抗病性研究[J]. 植物病理学报, 2001, 31(4): 324-329. (WANG X M, ZHU Z D, WANG H B, et al. Occurrence of soybean phytophthora root rot and evaluation of germplasm resistance in China[J]. Acta Phytopathologica Sinica, 2001, 31(4): 324-329.)

[22] 夏长剑, 张吉清, 王晓鸣, 等. 引自美国的大豆资源抗疫霉根腐病基因分析[J]. 作物学报, 2011, 37(7): 1167-1174. (XIA C J, ZHANG J Q, WANG X M, et al. Analysis of genes resistance to *Phytophthora* root rot in soybean germplasm imported from America[J]. Acta Agronomica Sinica, 2011, 37(7): 1167-1174.)

[23] 张海鹏, 郭娜, 牛景萍, 等. 大豆品种郑 97196 对疫霉根腐病的抗性遗传分析及基因定位[J]. 大豆科学, 2016, 35(3): 373-379. (ZHANG H P, GUO N, NIU J P, et al. Genetic analysis of resistance to *Phytophthora sojae* and mapping of resistance gene in soybean cultivar Zheng 97196 [J]. Soybean Science, 2016, 35(3): 373-379.)

[24] 李晓那, 孙石, 钟超, 等. 黄淮海地区大豆主栽品种对 8 个大豆疫霉菌株的抗性评价[J]. 作物学报, 2017, 43(12): 1774-1783. (LI X N, SUN S, ZHONG C, et al. Resistance evaluation to eight *Phytophthora sojae* isolates for major soybean cultivars in Huang-Huai-Hai Rivers valley [J]. Acta Agronomica Sinica, 2017, 43(12): 1774-1783.)

[25] 张章. 大豆抗大豆疫霉根腐病抗源筛选及关联分析[D]. 南京: 南京农业大学, 2019. (ZHANG Z. Resistance germplasm identification and genome-wide association analysis of phytophthora resistance to soybean [D]. Nanjing: Nanjing Agricultural University, 2019.)

[26] 杨瑾, 汪孝璐, 叶文武, 等. 黄淮海地区大豆种质资源对疫霉根腐病的抗性鉴定[J]. 大豆科学, 2020, 39(1): 12-22. (YANG J, WANG X M, YE W W, et al. Identification of soybean resistance to *Phytophthora sojae* in the germplasm resources from Huanghuaihai region of China [J]. Soybean Science, 2020, 39(1): 12-22.)

[27] 李柯. 2019-2020 年国家大豆良种攻关品种(系)对大豆疫霉和镰孢菌的抗性鉴定[D]. 南京: 南京农业大学, 2021. (LI K. Resistance identification of national soybean cultivars(lines) to *Phytophthora sojae* and *Fusarium* in 2019-2020 [D]. Nanjing: Nanjing Agricultural University, 2021.)