

# 黑龙江省大豆疫霉菌毒性变异及毒力结构分析

马淑梅, 韩新华

(黑龙江大学 农业资源与环境学院, 黑龙江 哈尔滨 150080)

**摘要:**采用国外一套鉴别寄主对 2009 ~ 2012 年黑龙省大豆产区的疫霉菌毒性变异及毒力结构进行了系统测定。结果表明:黑龙江省大豆疫霉菌含有目前已知的全部致病基因,能克服所有已知的主效抗性基因。供试的 300 个疫霉菌株可分为 28 种毒力结构,毒力类型 1a,7;6,7;7;1a,1c,6,7;1a,3c,4,6,7;1a,1d,3c,5,7;1b,1k,4,6,7 是黑龙江大豆疫霉的主要组成类型,分别占测定菌株数的 17%、21%、9%、7%、4%、5%、6%,前 3 种毒力类型在黑龙江省东部、中部和北部大豆主产区内均有分布。黑龙江大豆产区中的大豆疫霉毒力结构比较复杂,种类最多的哈尔滨和齐齐哈尔地区达到了 15 种。*rps1k* 基因是重要的抗病基因,目前已经存在对它具有毒性的病原菌,并且所占比例为 10.3%,表明黑龙江大豆生产区存在着疫霉菌的强毒性菌株。因此,亟需挖掘新的抗病基因和培育新的抗病资源。

**关键词:**大豆;疫霉菌;毒性变异;毒力结构

中图分类号:S565.1      文献标识码:A      文章编号:1000-9841(2013)02-0229-05

## Analysis on the Toxicity Variation and Virulence Structure of Soybean *Phytophthora sojae* in Heilongjiang Province

MA Shu-mei, HAN Xin-hua

(Agricultural Source and Environmental College, Heilongjiang University, Harbin 150080, China)

**Abstract:** A set of foreign standard soybean differentials was applied to systematically examine the virulence genes and structures of soybean *Phytophthora sojae* (SPS), which were isolated from soybean production regions in Heilongjiang province during 2009 to 2012. The results showed that all known virulence genes in the tested SPS strains from Heilongjiang province could overcome all known major resistance genes. Three hundred SPS strains tested were divided into 28 different virulence types. The virulence types of 1a,7;6,7;7;1a,1c,6,7;1a,3c,4,6,7;1a,1d,3c,5,7;1b,1k,4,6,7 were the predominant populations and the proportion of which were 17%, 21%, 9%, 7%, 4%, 5% and 6%, respectively. Meanwhile the first three virulence types were distributed in the main soybean production regions of eastern, central and northern of Heilongjiang province. The formation of SPS virulence genes in the soybean production areas in Heilongjiang province was complex and in Harbin and Qiqihar the types of genes were up to 15 species. *rps1k* is an important resistance gene, there was virulent pathogens existed acting on the *rps1k* gene and the proportion was 10.3%, which illuminated that there were strong virulent strains of SPS in Heilongjiang soybean production areas. Thus it is urgent to discover new resistant genes and culture new resistant resources.

**Key words:** Soybean; *Phytophthora sojae*; Toxicity variation; virulence structure

植物病害综合防治方法很多,其中,利用植物抗病性是病害防治中工省效宏的措施。人们利用抗病品种成功控制了大范围流行的毁灭性病害实例很多<sup>[1]</sup>。抗病品种在生产上应用几年后其抗病性往往会丧失,其直接原因是病原菌的毒性变异问题。因此,研究病原菌毒性变化及种类组成对种质资源抗病性的鉴定和评价及抗性基因的合理布局具有重要意义<sup>[2-3]</sup>。由大豆疫霉菌引起的病害是一种典型的土传病害,在我国部分大豆产区已有发生,其危害严重,对大豆产量和品质影响很大,是大豆生产上亟需解决的重要问题<sup>[4-5]</sup>。黑龙江是我国的大豆主产区,种植面积常年在  $4.5 \times 10^5$   $\text{hm}^2$ ,最近监测结果表明,大豆疫霉毒性类型增加,新的致病基因在产生,会导致更多的品种抗病性丧失,已影响了黑龙江大豆生产。国外研究表明大豆疫霉菌群体的

毒力变化十分复杂,新的致病类型不断产生<sup>[6-7]</sup>。近年来对国内部分地区疫霉的毒性分化已有相关报道<sup>[8-10]</sup>,但对黑龙江省当前疫霉群体毒性分化的了解相对较少,由于采集的菌株数量有限未能系统地揭示出新的致病类型可能给黑龙江省大豆生产发展带来的潜在危害。因此,从黑龙江各大豆产区采集了大量的疫霉发病样本,用国外鉴别寄主进行了系统的测定,明确了黑龙江省大豆疫霉的毒力变异及毒力结构类型,这一结果对大豆品种资源鉴定、大豆抗病品种培育以及病害的全面控制具有重要作用。

### 1 材料与方法

#### 1.1 材料

1.1.1 供试菌株 在黑龙江省大豆主要种植区的

收稿日期:2013-01-09  
基金项目:国家公益性行业(农业)科研专项(3-20)。  
第一作者简介:马淑梅(1959-),女,教授,主要从事植物病害综合治理研究。E-mail: msm2006@126.com。

58个市县98个地点采集大豆疫霉发病植株和病土壤样本进行病原菌的分离纯化。从采自东部三江平原区、西部干旱区、中部高产区、北部早熟区的植株和土壤的样本中分别选出有代表性的菌株,共计300个,分别进行毒性测定。

1.1.2 鉴别寄主 鉴别寄主共13份。即国际上通用的一套鉴别寄主,由南京农业大学提供。

1.2 方法

1.2.1 病组织法分离病原菌 采集新近发病、典型的大豆疫霉病发病植株,最好在24~30 h之内完成分离。首先将新鲜病株的病组织用自来水流水冲洗1 h后,75%酒精浸泡30~40 s,无菌水冲洗3~4次,用灭菌的滤纸吸干表面水分,取适当大小病健交界处组织置于选择性培养基<sup>[11]</sup>上,将培养皿倒置于25℃温箱中培养7 d。从发病组织周边挑取白色病菌菌丝,保存于试管里并进行单孢分离纯化。参照文献[12]和[13]的方法从病土壤中分离大豆疫霉病菌。

1.2.2 毒力结构分析 按供试菌株对鉴别寄主的反应,分析供试菌株对主要抗性基因的毒性,将试验结果按文献规定的国际命名系统<sup>[14]</sup>确定疫霉的毒力结构。

1.2.3 接种方法、抗性评价方法和调查标准 参照文献[8]进行。

2 结果与分析

2.1 大豆疫霉菌分离

从黑龙江省东部地区的94份植株标样中分离

到68个疫霉菌株,分离频率为72.3%;57份土壤中分离到40个疫霉菌株,阳性土样分离率为70.2%。从黑龙江省中部地区的110份植株标样中分离到85个疫霉菌株,分离频率为77.3%;41份土壤中分离到25个疫霉菌株,阳性土样分离率为60.9%。从黑龙江省北部地区的68份植株标样中分离到37个疫霉菌株,分离频率为54.4%;55份土壤中分离到22个疫霉菌株,阳性土样分离率为40%。从黑龙江省西部地区的76份土壤中分离到23个疫霉菌株,阳性土样分离率为30.3%。

从病菌分离结果看出,植株分离频率最高的为中部地区,其次是东部地区;阳性土样分离率最高的为东部地区。

2.2 大豆疫霉菌毒力结构类型及其分布

用国外鉴别寄主对从黑龙江不同大豆产区采集的疫霉菌株进行测定,结果表明在供试的菌株范围内存在28种不同的毒力结构类型(表1)。黑龙江省大豆疫霉病群体中含有目前鉴别寄主(13个)中的所有毒性基因。毒力类型1a,7;6,7;7;1a,1c,6,7;1a,3c,4,6,7;1a,1d,3c,5,7;1b,1k,4,6,7是黑龙江省大豆疫霉的主要组成类型,分别占测定菌株数的17%、21%、9%、7%、4%、5%和6%,前3种毒力类型在黑龙江省东部、中部和北部大豆主产区均分布。从表1的毒力结构可以看出黑龙江省大豆主产区的大豆疫霉中含有目前8个主要抗性基因的所有致病基因,即含有*rps3a*、*rps1a*、*rps1b*、*rps1c*、*rps1d*、*rps1k*、*rps6*、*rps7*,能克服大豆鉴别寄主中所持有的8个主效抗性基因。

表1 黑龙江省大豆疫霉菌毒力结构类型及其分布

Table 1 Virulence structure and its distribution of soybean <i>Phytophthora sojae</i> in Heilongjiang province				
大豆种植区划 Soybean planting region	毒力结构 Virulence structure	地理分布 Geographical distribution	鉴定菌株数 Number of appraisal strains	致病型种类 Physiological races
哈尔滨 Harbin	7;1a,7;1a,3c,4,6,7;6,7	呼兰 Hulan	7	4
	7;1a,7;6,7	阿城 Acheng	5	3
	7;1a,3a,4,6,7;1a,1d,3c,5,7	尚志 Shangzhi	5	3
	6,7;1a,3a,4,6,7;1a,3c,5,7;1b,3c,4,5,6,7	双城 Shuangcheng	5	4
	7;1a,7;1a,3a,4,6,7;1a,1d,3c,5,7	宾县 Binxian	6	4
	1a,7;3c,7;1a,3a,5,7;1b,3c,4,5,6,7	方正 Fangzheng	5	4
	3c,4,5,6;1a,1b,1c,1d,1k,6,7	依兰 Yilan	6	2
	1a,1d,7;1a,7;3c,4,5,6	巴彦 Bayan	9	3
	1a,1b,1c,1k,6,7;3c,4,5,6;1a,1d,3c,7	木兰 Mulan	7	3
	7;6,7;1a,1d,3a,7;1b,3c,4,5,6,7	通河 Tonghe	7	4
	1a,7;1a,1c,1b,5;6,7;1a,1c,4,6,7	延寿 Yanshou	5	4

续表 1

大豆种植区划 Soybean planting region	毒力结构 Virulence structure	地理分布 Geographical distribution	鉴定菌株数 Number of appraisal strains	致病型种类 Physiological races
齐齐哈尔 Qiqihar	1a,1d,3c,5,7;1b,5,7;3c,7;1a,1b,1c,5,7	龙江 Longjiang	5	4
	1a,1c,1b,5;1d,7;6,7;1a,1d,7	依安 Yi' an	5	4
	1a,7;6,7;3c,7;1a,1c,1b,5	泰来 Tailai	5	4
	6,7;1a,1b,1c,5,7;3c,7;6,7	富裕 Fuyu	6	4
	1b,1k,4,6,7;1a,1k,7;1a,1b,1k,4,6,7	克山 Keshan	3	3
	1a,3c,6,7;1d,7;6,7;1a,1b,1c,5,7	克东 Kedong	4	4
鸡西 Jixi	1a,1b,1k,4,6,7;6,7;1a,1d,3a,5,7;1a,1d,7;7	密山 Mishan	8	5
	1a,7;1a,1d,7;1a 1c,6,7;1b,5,7	虎林 Hulin	5	4
	1a,7;1b,1k,4,6,7;1a,1c,6,7	鸡东 Jidong	4	3
鹤岗 Hegang	1a,1c,6,7;1a,1b,5,7;6,7;7	萝北 Luobei	7	4
	6,7;1b,1k,4,6,7;1a,1c,6,7;1a,7	绥滨 Suibin	7	4
	1b,1k,4,6,7;1b,5,7;1a,1b,1k,4,6,7	二九一 Erjiuyi	7	3
双鸭山 Shuangyashan	1a,1k,7;1a,1c,7;1a,7;1a,1b,1c,7	集贤 Jixian	8	4
	1b,1k,4,6,7;1a,1k,7;1a,1b,1k,4,6,7	宝清 Baoqing	6	3
	1d,7;1a,1c,1b,5;6,7;1a,1c,4,6,7	友谊 Youyi	6	4
	6,7;1b,1k,4,6,7;1a,1c,6,7;1a,7	饶河 Raohe	7	4
大庆 Daqing	1a,1d,3a,5,7;1b,5,7;1d,7	肇洲 Zhaozhou	3	3
	1a,1d,3c,5,7;1b,5,7	肇源 Zhaoyuan	3	2
伊春 Yichun	7;1a,7;6,7	铁力 Tieli	3	3
	1a,1c,1b,5;1d,7;6,7;1a,1d,7	嘉阴 Jiayin	4	4
佳木斯 Jiamusi	1b,1k,4,6,7;1b,5,7;1a,1b,1k,4,6,7	同江 Tongjiang	7	3
	1a,7;1b,1k,4,6,7;1a,1c,6,7	富锦 Fujin	4	3
	1a,1b,1k,4,6,7;6,7	桦南 Huanan	7	2
	1a,1c,6,7;1a,1b,5,7;6,7;7	桦川 Huachuan	6	4
	7;1a,7;6,7	汤源 Tangyuan	6	3
	1a,7;6,7;3c,7;1a,1c,1b,5	抚远 Fuyuan	7	4
	1a,1d,3c,5,7;1b,5,7;1d,7	七台河 Qitaihe	4	3
牡丹江 Mudanjiang	1a,1b,1k,4,6,7;6,7	勃力 Boli	2	2
	1a,7;1b,1k,4,6,7;1a,1c,6,7	牡丹江 Mudanjiang	3	3
	1a,1c,1b,5;1d,7;6,7;1a,1d,7	海林 Hailin	4	4
	7;1a,7;6,7	宁安 Ning' an	3	3
	1a,1c,6,7;1a,1b,5,7;6,7;7	林口 Linkou	4	4
黑河 Heihe	1a,1d,3c,5,7;1b,5,7;1d,7	黑河 Heihe	5	3
	1a,1d,7;1d,7;3c,4,5,6;7	北安 Beian	6	4
五大连池 Wudalianchi	1a,7;6,7;3c,7;1a,1c,1b,5	五 大 连 池 Wu-dalianchi	4	4
	1a,1d,7;1a,7;3c,4,5,6;7	嫩江 Nenjiang	5	4
	1a,1b,1k,4,6,7;6,7	孙吴 Sunwu	3	2

续表 1

大豆种植区划 Soybean planting region	毒力结构 Virulence structure	地理分布 Geographical distribution	鉴定菌株数 Number of Appraisal strains	致病型种类 Physiological races
绥化 Suihua	1b,1k,4,6,7;1a,1k,7;1a,1b,1k,4,6,7	绥化 Suihua	9	3
	1a,1b,1k,4,6,7;6,7	安达 Anda	7	2
	1a,1b,1c,5,7;1a,1b,1d,1k,3b,3c	海伦 Hailun	8	2
	1a,1c,6,7;1a,1b,1c,5,7;6,7;7	兰西 Lanxi	5	4
	1a,1c,1b,5;1d,7;6,7;1a,1d,7	青岗 Qinggang	5	4
	1a,1b,1k,4,6,7;6,7	明水 Mingshui	5	2
	1a,1b,1c,1d,1k,2,3c,6,7;	绥棱 Suiling	8	4
	1a,1b,1c,5,7;6,7;7			

2.3 大豆疫霉菌在各主产区的毒力结构种类

从2009年开始对黑龙江省12个地区(哈尔滨、齐齐哈尔、鸡西、鹤岗、双鸭山、大庆、伊春、佳木斯、七台河、牡丹江、黑河、绥化)大豆田中疫霉的毒力多样性进行监测(表2)。其中毒力结构种类最多的是哈尔滨和齐齐哈尔地区,达到了15种,黑河、绥

化、佳木斯、双鸭山、鹤岗和鸡西为10~12种,表明黑龙江大豆产区中的疫霉毒性结构种类比较多,组成也比较复杂。各大豆产区各种毒力类型出现的频率不尽相同,但主要的7种(1a,7;6,7;7;1a,1c,6,7;1a,3c,4,6,7;1a,1d,3c,5,7;1b,1k,4,6,7)毒力类型在各主要产区区内均有分布。

表2 大豆疫霉菌在各主产区的毒力结构组成种类

Table 2 Virulence structure of soybean <i>Phytophthora sojae</i> in each major soybean production regions			
大豆产区 Soybean production region	监测地点 Detection location	毒力结构种类 Virulence structure species	监测年份 Observation year
中部 Center	哈尔滨 Harbin	15	2009,2010,2011
	绥化 Suihua	12	2009,2010,2011
西部 West	齐齐哈尔 Qiqihar	15	2009,2010,2012
	大庆 Daqing	3	2009,2010,2011
东部 East	鹤岗 Hegang	11	2011,2012
	双鸭山 Shuangyashan	12	2009,2010,2012
	佳木斯 Jiamusi	11	2009,2010,2011
南部 South	七台河 Qitaihe	5	2011,2012
	牡丹江 Mudanjiang	9	2009,2010,2011
	鸡西 Jixi	10	2011,2012
北部 North	黑河 Heihe	12	2009,2010,2011
	伊春 Yichun	6	2010,2012

2.4 对主要抗性基因的致病频率

病原菌均能克服鉴别寄主中8个主要抗病基因。对主要抗病基因致病菌株出现频率见图1。其中对 $rps7$ 出现频率最高,为55.3%,其次是对 $rps1a$ ,出现频率为32%,最低的是对 $rps3a$ ,出现频率为2.3%。值得注意的是已有10.3%的菌株能克服 $rpslk$ 基因。

图1还表明抗病基因对病原菌的抗病能力为 $rps3a > rpslk > rps1c > rps1d > rps1b > rps6 > rps1a > rps7$ 。

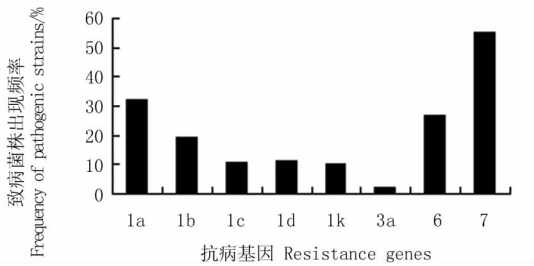


图1 对主要抗性基因的致病频率  
Fig. 1 Pathogenic frequency of major resistance

### 3 讨 论

关于大豆疫霉病及其病菌致病型已有很多研究报道<sup>[15-19]</sup>。在中国大豆疫霉毒力类型的早期研究中,马淑梅等<sup>[6]</sup>1999 年最先用国外由 8 个品种组成的鉴别寄主报道了从黑龙江省大豆主产区采集 10 份疫霉标样的毒力组成,共有 7 个致病型,其中优势致病型是 1 号。马淑梅等<sup>[20]</sup>对 2008~2009 年从黑龙江北部、东部、中部、南部等大豆产区采集的典型大豆疫霉病株和病土进行分离纯化,得到 64 个大豆疫霉菌株,用国际上通用的一套鉴别寄主(13 个)进行毒力测定,将病原菌划分为 10 个毒力类型,在不同来源的发病样本内明确了不同菌株的毒力类型和分布。朱振东等<sup>[21]</sup>对来源于黑龙江省 5 个县(市)和 1 个国营农场的 18 个大豆疫霉菌分离物进行致病型鉴定,共鉴别出 5 个大豆疫霉菌致病型,1 号致病型为佳木斯优势致病型。张淑珍等<sup>[8]</sup>从黑龙江省建三江农场、佳木斯、黑河等 14 个地点采集到具有典型病症的 262 份病株,对已分离出的 60 个菌株鉴定出 4 个致病型,证明 1 号致病型为黑龙江省的优势致病型。臧忠婧等<sup>[22]</sup>在黑龙江省垦区收集大豆疫霉菌株进行了大豆疫霉菌的分离、鉴定及菌株致病力的测定,也明确了供试菌株的毒力类型。许修宏等<sup>[23]</sup>在采集的大豆疫霉菌株范围内,进行了病原菌生理小种鉴定并开展了疫霉病菌致病型中国鉴别寄主的初步筛选。

已往的研究在黑龙江省各地采集的菌株数量有限,不能全面反映黑龙江省大豆疫霉的毒力多样性及毒力结构组成。本研究用 13 个鉴别寄主系统测定了 2009~2012 年在黑龙江省主要大豆产区收集的 300 份疫霉菌株的毒力多样性,并明确了供试菌株对主要抗病基因的致病频率。除了 *rps1a*、*rps7* 出现的频率较低外,*rps3a*、*rps1b*、*rps1c*、*rps1d*、*rps1k*、*rps6* 均以很高的频率出现。在黑龙江大豆疫霉群体中,检测到 28 种不同毒力结构类型,说明大豆疫霉菌在与大豆协同进化的进程中,随着大豆品种的更新换代,新的抗病基因不断地被应用,病菌方面也不断产生新的致病基因,病原菌与寄主之间长期共存、共同进化形成了如此复杂的毒力结构。本研究同时也表明大豆主效抗性基因 *rps3a*、*rps1k*、*rps1c*、*rps1d*、*rps1b*、*rps6*、*rps1a*、*rps7* 在病原菌中都能找到其对应的毒力类型。*rps1k* 基因在国内外一直被认为对大豆疫霉菌具有很强的抗性,能抗 20 多个致病型,但本研究已检测 10.3% 的菌株对其有致病能力,说明黑龙江大豆产区存在着疫霉菌的强毒性菌株,为了防止其流行和扩散,亟需挖掘新的抗病基因或制定新的抗病育种策略。

### 参考文献

- [1] 许志刚. 普通植物病理学[M]. 4 版. 北京:高等教育出版社, 2009,347-351. (Xu Z G. General plant pathology[M]. 4th ed. Beijing: Higher Education Press, 2009,347-351. )
- [2] 朱振东,王晓鸣,常汝镇,等. 黑龙江省大豆疫霉菌生理小种鉴定及大豆种质抗性评价[J]. 中国农业科学,2000,33(1):62-67. (Zhu Z D, Wang X M, Chang R Z, et al. Identification of Race of *Phytophthora sojae* and reaction of soybean germplasm resources in Heilongjiang province[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2000,33(1):62-67. )
- [3] 朱振东,王晓鸣,王化波. 蒙城大豆疫霉菌的鉴定及其生理小种[J]. 植物病理学报,2001,31(3):237-240. (Zhu Z D, Wang X M, Wang H B. Identification and race of *Phytophthora sojae* isolates collected in Mengcheng, Anhui province [J]. Acta Phytopathologica Sinica, 2001,31(3):237-240. )
- [4] 韩晓增,何志鸿,张增敏. 大豆主要病虫害防治技术[J]. 大豆通报,1998(6):63-68. (Han X Z, He Z H, Zhang Z M. Soybean main plant diseases and insect pests prevention and control technology[J]. Soybean Bulletin, 1998(6):63-68. )
- [5] 沈崇尧,苏彦纯. 中国大豆疫霉菌的发现及初步研究[J]. 植物病理学报,1991,21(4):289. (Shen C Y, Su Y C. Find and preliminary of *Phytophthora sojae* in China[J]. Acta Phytopathologica Sinica, 1991,21(4):289. )
- [6] Schmitthenner A F. Problems and progress in control of *Phytophthora* root rot of soybean [J]. Plant Disease, 1985,69:362-368.
- [7] Leiz R A, Harman G L. Races of *Phytophthora sojae* on soybean in Illinois [J]. Plant Disease, 2000,84:487.
- [8] 马淑梅,李宝英. 大豆疫霉根腐病生理小种鉴定结果初报[J]. 大豆科学,1999,18(2):151-153. (Ma S M, Li B Y. A preliminary report on the identification of the physiological races of *Phytophthora sojae* [J]. Soybean Science, 1999,18(2):151-153. )
- [9] 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 race15 in China [J]. Chinese Journal of Oil Crop Sciences, 2008,30(2):229-234. )
- [10] 马淑梅,丁俊杰,郑天琪. 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. Preliminary report on the identification of the physiological races of *phytophthora sojae* in Heilongjiang province [J]. Soybean Science, 2005,24(4)260-262. )
- [11] 王晓鸣,朱振东,马淑梅,等. 大豆疫霉选择性分离技术研究[J]. 植物病理学报,1998,28(1):78. (Wang X M, Zhu Z D, Ma S M. A selective isolating technique for *Phytophthora sojae* [J]. Acta Phytopathologica Sinica, 1998,28(1):78. )
- [12] 王子迎,王源超,张正光,等. 土壤中大豆疫霉菌诱捕方法的改进[J]. 植物病理学报,2005,35(6):557-559. (Wang Z Y, Wang Y C, Zhang Z G, et al. An improved method of baiting *Phytophthora sojae* from soil [J]. Acta Phytopathologica Sinica, 2005,35(6):557-559. )
- [13] 朱振东,王化波,王晓鸣. 一种土壤中大豆疫霉菌分离新方法[J]. 菌物系统,2003,22(1):142-147. (Zhu Z D, Wang H B, Wang X M. A new method of isolating *Phytophthora sojae* from soil [J]. Mycosystema, 2003,22(1):142-147. )
- [14] Schmitthenner A F, Hobe M, Bhat R G. *Phytophthora sojae* races in Ohio over a 10-year interval [J]. Plant Disease, 1994,78(3):269-276.

22 d 后较 15 d 后有所下降,可能是植株在受到蚜虫取食后产生某种物质抑制蚜虫的生长,减少蚜虫对植株的危害<sup>[5]</sup>。

本试验结果表明,选择性与非选择性试验在筛选大豆抗性资源上是一致的。但有研究显示,在非选择性试验中表现感虫的材料,在选择性试验中表现出抗性,并把这种差异归于大豆不同的抗性类型,即排趋性抗性材料的表征<sup>[5-6]</sup>。本试验未出现类似的结果,表明所使用的大豆材料没有排趋性抗性。

参考文献

[1] Wu Z S, Donna S H, Zhan W Y, et al. The soybean aphid in China: A historical review[J]. Annals of the Entomological Society of America, 2004, 97(2): 209-218.

[2] 王素云, 暴祥致, 孙雅杰, 等. 大豆蚜虫对大豆生长和产量影响的试验[J]. 大豆科学, 1996, 15(3): 243-247. ( Wang S Y, Bao X Z, Sun Y J, et al. Study on effect of population dynamics of soybean aphid on both of growth and yield of soybean[J]. Soybean Science, 1996, 15(3): 243-247. )

[3] Alleman R J, Grau C R, Hogg D B. Soybean aphid host range and virus transmission efficiency[ C ]//. Proc. Wisc. Fertilizer Agline Pest Manage Conf. , Madison, Wisconsin; University of Wisconsin Extension, 2002.

[4] Ragsdale D W, Landis D A, Brodeur J, et al. Ecology and management of the soybean aphid in North America[J]. Annual Review of Entomology, 2011, 56: 375-399.

[5] Kim K S, Hill C B, Hartman G L, et al. Discovery of soybean aphid biotypes[J]. Crop Science, 2008, 48: 923-928.

[6] Hill C B, Li Y, Hartman G L. Resistance to the soybean aphid in soybean germplasm[J]. Crop Science, 2004, 44: 98-106.

[7] Mensah C, DiFonzo C, Nelson R L. Resistance to soybean aphid in early maturing soybean germplasm [ J ]. Crop Science, 2005, 45: 2228-2233.

[8] Mensah C, DiFonzo C, Wang D. Inheritance of soybean aphid resist-

ance in PI 567541B and PI 567598B[J]. Crop Science, 2008, 48: 1-5.

[9] Mian M A R, Hammond R B, Martin S K S. Newplant introductions with resistance to the soybean aphid[J]. Crop Science, 2008, 48: 1055-1061.

[10] Hill C B, Li Y, Hartman G L. Soybean aphid resistance in soybean jackson is controlled by a single dominant gene[J]. Crop Science, 2006, 46: 1606-1608.

[11] Wu T L, Ma X H, Yao L M, et al. Identification of soybean resources of resistance to aphids[J]. Agricultural Sciences in China, 2009, 8(8): 979-984.

[12] Hill C B, Crull L, Herman T K, et al. Anew soybean aphid( *Hemiptera: Aphididae* ) biotype identified [ J ]. Journal of Economic Entomology, 2010, 103(2): 509-515.

[13] Xiao L, Zhong Y P, Zhang J J, et al. Inheritance of resistance to *Aphis glycines* in soybean P746 from China[J]. Journal of Economic Entomology, 2012, 105(6): 2167-2171.

[14] Burd J D, Porter D R. Biotypic diversity in greenbug( *Hemiptera: Aphididae* ): characterizing new virulence and host associations [ J ]. Journal of Economic Entomology, 2006, 99(3): 959-965.

[15] Liu X D, Zhai B P, Zhang X X. Studies on the host biotypes and its cause of cotton aphid in Nanjing, China[ J ]. Agricultural Sciences in China, 2002, 1(11): 1211-1215.

[16] Barrion A, Litsinger J. Wild rice: a new host for *Hysteronura setariae* ( Thomas ) ( *Hemiptera: Aphididae* ) in the Philippines [ J ]. International Rice Research Newsletter, 1991, 16(5): 23.

[17] Porter D, Mornhinweg D. Characterization of greenbug resistance in barley [ J ]. Plant Breeding, 2004, 123(5): 493-494.

[18] Wood J E. Biological studies of a new greenbug biotype1 [ J ]. Journal of Economic Entomology, 1961, 54(6): 1171-1173.

[19] Xu Z H, Chen J L, Cheng D F, et al. Discovery of English grain aphid( *Hemiptera: Aphididae* ) biotypes in China [ J ]. Journal of Economic Entomology, 104(3): 1080-1086.

[20] Burd J D, Porter D R, Puterka G J, et al. Biotypic variation among North American Russian wheat aphid( *Homoptera: Aphididae* ) populations [ J ]. Journal of Economic Entomology, 2006, 99(5): 1862-1866.

(上接第 233 页)

[15] Kaitany R C, Hart L P, Safir G R. Virulence composition of *Phytophthora sojae* in Michigan [ J ]. Plant Disease, 2001, 85: 1103-1106.

[16] Ryley M J, Obst N R, Irwin J A G, et al. Changes in the racial composition of *Phytophthora sojae* in Australia between 1979 and 1996 [ J ]. Plant Disease, 1998, 82: 1048-1054.

[17] Schmitthenner A F. Evidence for a new race of *Phytophthora megasperma* var. *sojae* pathogenic to soybean [ J ]. Plant Disease Reporter, 1972, 56: 536-539.

[18] Leitz R A, Hartman G L, Pederson W L, et al. Races of *Phytophthora sojae* on soybean in Illinois [ J ]. Plant Disease, 2000, 84: 487.

[19] Yang X B, Ruff R L, Meng X Q, et al. Races of *Phytophthora sojae* in Iowa soybean fields [ J ]. Plant Disease, 1996, 80: 1418-1420.

[20] 马淑梅. 黑龙江东部地区大豆疫霉病致病型及毒力分布 [ J ]. 大豆科学, 2009, 28(4): 687-689. ( Ma S M. Pathotype and virulence distribution of *Phytophthora sojae* in eastern of Heilongjiang province [ J ]. Soybean Science, 2009, 28(4): 687-689. )

[21] 朱振东, 王晓鸣, 常汝镇, 等. 黑龙江省大豆疫霉菌生理小种鉴定及大豆种质的抗性评价 [ J ]. 中国农业科学, 2000, 33(1): 62-67. ( Zhu Z D, Wang X M, Chang R Z, et al. Identification of race of *Phytophthora sojae* and reaction of soybean germplasm resources in Heilongjiang province [ J ]. Scientia Agricultura Sinica, 2000, 33(1): 62-67. )

[22] 臧忠婧, 左豫虎, 刘惕若. 大豆疫霉菌的分离、鉴定及菌株致病力的测定 [ J ]. 黑龙江八一农垦大学学报, 2000, 12(1): 37-42. ( Zang Z J, Zuo Y H, Liu T R. Study on pathogenicity, isolate method and identification of different isolations of *Phytophthora sojae* [ J ]. Journal of Heilongjiang August First Land Reclamation University, 2000, 12(1): 37-42. )

[23] 许修宏, 吕慧颖, 陈秀双, 等. 大豆疫霉根腐病菌生理小种中国鉴别寄主的初步筛选 [ J ]. 东北农业大学学报, 2002, 33(2): 139-142. ( Xu X H, Lyu H Y, Chen X S, et al. Preliminary screening for differential soybean varieties/lines suitable for race test of *Phytophthora sojae* isolated from China [ J ]. Journal of Northeast Agricultural University, 2002, 33(2): 139-142. )