

# 大豆菌核病菌不同菌丝亲和群的遗传差异性研究

李易初<sup>1,2</sup>, 张俊华<sup>1</sup>

(1. 东北农业大学 农学院, 黑龙江 哈尔滨 150030; 2. 黑龙江省农业科学院 植物保护研究所, 黑龙江 哈尔滨 150086)

**摘要:** 为明确大豆菌核病菌不同菌丝亲和群的遗传差异性, 经菌丝亲和组群 (MCG) 方法筛选, 挑选 12 个独自成群有代表性菌株, 以常规 PDA 培养基培养, 比较其菌落形态、生长速率和菌核的各项形态学特性, 并采用 SSR 分子标记分析其遗传多态性。结果表明: 不同菌丝亲和群菌株之间, 形态学差异较大, 菌落形状、颜色和菌丝丰度均分为两类; 菌核重量和大小等差异性显著, 直径变化范围 0.13 ~ 0.53 cm, 菌核粒重变幅 0.007 ~ 0.340 g; SSR 分子标记技术与 MCG 方法分析核盘菌遗传差异性结果一致, 且相似系数越高, 一致性越高。可见, 黑龙江地区大豆菌核病菌丝亲和群数量多, 菌株之间存在多元性和差异性, 核盘菌种群内存在较大的异质性, 遗传类型复杂。

**关键词:** 大豆菌核病; 菌丝亲和组群; 形态学; 遗传差异

中图分类号: S565.1

文献标识码: A

DOI: 10.11861/j.issn.1000-9841.2014.05.0718

## Genetic Diversity of *Sclerotinia Sclerotiorum* in Soybean in Different Mycelia Compatibility Groups

LI Yi-chu<sup>1,2</sup>, ZHANG Jun-hua<sup>1</sup>

(1. Agronomy College, Northeast Agricultural University, Harbin 150030, China; 2. Plant Protection Institute, Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences, Harbin 150086, China)

**Abstract:** To identify genetic diversity of isolates of *Sclerotinia sclerotiorum* from different mycelia compatibility groups, 12 alone representative strains of different MCGs were selected by the Mycelia compatibility groups (MCG) screening methods. The strains were cultivated by PDA medium, and the colony characteristics, growth rate of mycelium and morphological features of sclerotia were compared. Genetic polymorphism was studied by SSR molecular marker. The results showed that the differences were significant in colony characteristics, mycelium growth rate, *Sclerotia* location on medium, the total number of *Sclerotia* and *Sclerotia* weight among the strains from different MCGs. The colony shape, colony color and hyphal fullness degree of strains were divided into two categories. *Sclerotium* diameter changed from 0.13 to 0.53 cm, *Sclerotium* grain weight ranged from 0.007 to 0.340 g. The average growth rate of strain was 2.206 cm·d<sup>-1</sup>, the capability *sclerotial* formation was not affected by mycelium growth rate. The result of SSR molecular marker technology was similar with MCG's, and the higher of the similarity coefficient, the higher consistence. Therefore, there are scores of mycelia compatibility groups of *S. sclerotiorum* in soybean in Heilongjiang province, the strains of *S. sclerotiorum* had polyphyly and diversity. It indicated the presence of heterogeneity and heredity types diversity of *S. Sclerotiorum* infecting soybean in Heilongjiang province.

**Key words:** Soybean *Sclerotinia sclerotiorum*; Mycelia compatibility group; Morphology; Genetic diversity

大豆菌核病是核盘菌 [*Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary] 侵染大豆引起的一种真菌病害<sup>[1-2]</sup>, 我国大豆主产区均有发生, 尤以黑龙江和内蒙古北部地区危害较重, 流行年份一般减产 20% ~ 30%, 严重发病地块减产可达 50% 以上<sup>[3-5]</sup>。由于近年大豆、油菜和向日葵的大面积种植, 菌核病的发生及为害呈加重趋势<sup>[6-7]</sup>。

随着分子生物学技术的发展, 越来越多的分子手段被应用于病原菌的研究。植物真菌病害的遗传结构分析主要应用菌丝亲和组群 (mycelia compatibility group, MCG)、营养体亲和群 (vegetative compatibility group, VCG)、限制性酶切片长度多

态性 (restriction fragment length polymorphism, RFLP)、随机扩增 DNA 片段多态性 (random amplified polymorphic DNA, RAPD) 等分析手段<sup>[8]</sup>。

本研究采用菌丝亲和组群法将采集的菌株分群, 挑选具有代表性的单独成群菌株作为试验材料, 经实验室常规方法培养, 分析不同菌丝亲和群菌株间菌落形态、菌落生长速度以及菌核形成过程中所表现的形态学特性, 并用 SSR 分子标记技术分析不同菌丝亲和群菌株的遗传多样性, 旨在明确不同菌丝亲和群菌株形态学差异性和多元性, 验证不同菌丝亲和群菌株的遗传多样性, 证实黑龙江地区核盘菌遗传类型复杂性。

收稿日期: 2014-01-13

基金项目: 国家公益性行业 (农业) 科研专项 (201103016)。

第一作者简介: 李易初 (1986-), 硕士, 助理研究员, 主要从事植物病理学研究。E-mail: liyichu0724@163.com。

通讯作者: 张俊华 (1973-), 男, 教授, 博导, 主要从事病原物与寄主植物分子互作、植物病害及防治研究。E-mail: podozh@163.com。

1 材料与方法

1.1 试验材料

1.1.1 供试材料 2011 年从黑龙江各地采集大豆菌核病样本,共分离纯化出 67 个菌株,根据采集地点编号,4℃ 保存于 PDA 平板培养基上备用。纯化

的菌株进行 MCG 试验,根据亲和结果分为 34 个 MCGs,从中选取具有代表性的 12 个 MCGs 进行试验。这 12 个 MCGs 是由来自黑龙江省 10 个市、11 个县,在 MCG 试验中独立成群的 12 个菌株构成(表 1)。

1.1.2 培养基 PDA 培养基,按照常规方法配制。

表 1 供试菌株  
Table 1 Tested isolates

菌种 Strains	采集地点 Acquisition places	菌种 Strains	采集地点 Acquisition places
BA008	北安市格球山农场	HG002	鹤岗市蔬园乡
BQ025	齐齐哈尔市拜泉县丰产乡	HH017	黑河市逊克农场
BQI023	双鸭山市宝清县八五三农场二分场二队	ML003	穆棱市河西镇
BQI031	双鸭山市宝清县八五三农场二分场二队	MS003	绥化市明水县宏伟村
DQ001	大庆市让胡路区	QA001	绥化市庆安县东郊
FJ025	富锦市长安镇大安村	SL008	海伦市于绥化县交界

1.2 不同菌丝亲和组群菌株形态多样性的研究

将分离纯化的菌株转移到 PDA 培养基活化,用直径 5 mm 打孔器,沿 PDA 培养基最外圈打孔,菌碟转接在 PDA 平板正中间,25℃ 恒温培养,每个菌株 3 次重复。

1.2.1 菌株生长速率 菌株置于 PDA 平板 25℃ 恒温培养,每 24 h 观察菌丝生长情况,测量菌落直径,直到菌丝长满培养皿。

1.2.2 菌株菌落特性 25℃ 培养 PDA 平板,待菌株长满培养皿,记录菌落形态。

1.2.3 菌核形成位置 菌株 PDA 平板 25℃ 培养 10 d,记录不同菌株产菌核情况和分布位置。

1.2.4 不同菌株产生菌核的数量、大小和重量 PDA 平板 25℃ 培养 10 d,记录每皿产菌核数,计算单菌株产菌核量的平均值。收集每个样品的所有菌核测总湿重,阴凉处干燥后称总干重,根据不同菌株菌核的个数计算菌核的粒重。在同一菌株的 3 组重复中,每皿随机测量 15 个菌核的直径,计算每种菌核的平均直径。

1.2.5 数据分析 采用 DPS v7.05 处理不同菌丝亲和群菌株形成菌核的各项数据。

1.3 SSR 分析

1.3.1 菌株 DNA 的提取 参照李佳等<sup>[9]</sup>提出的 SDS 法提取供试菌株 DNA。

1.3.2 多态性分析 选取国际通用真菌 SSR 引物 6 对,参照王玉杰<sup>[10]</sup> SSR 分析方法,分析 12 个供试菌株的 DNA。PCR 反应体系(25.0 μL):2.0 μL 20× 稀释后扩增产物,每条引物(10 μmol·L<sup>-1</sup>)

0.6 μL,2.0 μL dNTP(2.5 mmol·L<sup>-1</sup>),2.0 μL 10× PCR 缓冲液,3.0 μL Mg<sup>2+</sup>(25 mmol·L<sup>-1</sup>),0.3 μL Taq 酶(5 U·μL<sup>-1</sup>),14.5 μL 重蒸水。扩增程序:94℃ 5 min,94℃ 1 min,35℃ 1 min,72℃ 1 min,5 个循环;94℃ 1 min,52℃ 1 min,72℃ 1 min,35 个循环;最后 72℃ 延伸 10 min。每次 PCR 反应均设不含 DNA 模板的空白对照,反应结束后 4℃ 保存 PCR 产物。扩增产物加等量上样缓冲液 94℃ 变性处理 5 min,用 4% 的变性聚丙烯酰胺 80 W 恒功率电泳 1.5 h,再进行银染显色。银染程序参考 Sebastian<sup>[11]</sup>的方法。

1.3.3 数据分析 统计每对引物扩增总带数(根据带的有无,有带记为“1”,无带记为“0”),数据转化为一个二元 1/0 数据矩阵。利用 NTSYS version 2.10t 计算 Dice 遗传相似性系数,用 UPGMA(unweighted pair grouping method with arithmetic mean)法进行聚类分析,得到反映菌株亲缘关系的遗传相似性树状图<sup>[12]</sup>。

2 结果与分析

2.1 不同菌丝亲和组群菌株形态多样性的研究

2.1.1 菌株生长速率 25℃ 恒温培养 72 h,6 个菌株(BQI023, BQI031, FJ025, HG002, ML003, SL008)长满直径 9 cm 的培养皿,占组群总数的 50%,这 6 个菌株来自 5 个采集地点。培养 96 h,BA008 和 MS003 长满培养皿。不同菌丝亲和群菌株的菌丝生长速率差异较大,菌株平均生长速率是 2.206 cm·d<sup>-1</sup>,8 个菌株超过平均生长速率,且培养 96 h

时可长满培养皿,其余菌株生长缓慢。后续培养中,仅有 DQ001 长满培养皿。

表 2 菌株的生长速率

Table 2 Mycelium growth rate of strains

供试菌株 Strains	菌落直径 Colony diameter/cm				生长速率 Growth rate/cm·d <sup>-1</sup>
	24 h	48 h	72 h	96 h	
BA008	1.53	3.32	7.80	8.98	2.245
BQ025	0.51	1.37	2.85	3.80	0.950
BQI023	0.89	4.93	8.96	—	2.987
BQI031	1.05	4.55	8.96	—	2.986
DQ001	0.61	1.25	1.83	3.07	0.768
FJ025	2.64	5.92	8.96	—	2.987
HG002	2.52	4.43	8.94	—	2.979
HH017	0.93	2.08	3.02	5.87	1.468
ML003	1.13	4.47	8.96	—	2.985
MS003	0.89	4.65	5.06	8.99	2.248
QA001	0.65	1.08	1.83	3.52	0.880
SL008	1.79	6.23	8.96	—	2.987

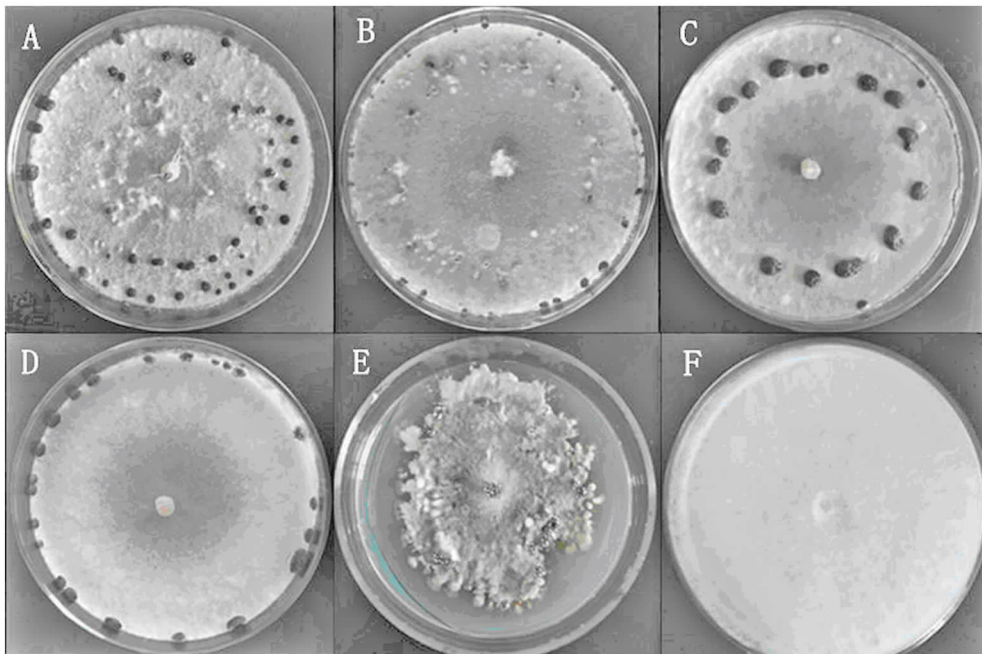
2.1.2 菌株的菌落特性 菌丝遮挡不住 PDA 培养基颜色,称其丰度低;反之,丰度高。表 3 所示,圆形菌落占总体的 75%,不规则形状仅占 25%,如菌株 MS003(图 1E)。菌落颜色分白色和淡黄色两种,白色菌株个数是淡黄色的 2 倍。菌丝丰度高低比例各占 50%。不同菌丝亲和群的菌株,菌落形态无相似性和统一性。

2.1.3 菌核形成位置 菌核形成位置分 3 种类型(表 3):类型 I 沿培养皿边缘生长,如 HG002(图 1D),占总体 25%;类型 II 边缘和菌落内部环状各生长一圈,如 FJ025、BA008(图 1B,C),占总体的 33.33%;类型 III 随机分布,如 BQI031(图 1A),占总体的 33.33%。大庆市采集的 DQ001 异于其他菌株,菌丝浓密不产菌核(图 1F)。

表 3 不同菌株的菌落特性

Table 3 Colony morphological characteristics of strains

供试菌株 Strains	菌落形状 Colony morphology	菌落颜色 Colony color	菌丝丰度 Hyphal fullness degree	菌核位置 Sclerotium position
BA008	圆形	白色	低	类型 II
BQ025	不规则	白色	高	类型 III
BQI023	圆形	白色	低	类型 I
BQI031	圆形	淡黄色	低	类型 III
DQ001	圆形	白色	高	无
FJ025	圆形	淡黄色	低	类型 II
HG002	圆形	淡黄色	高	类型 I
HH017	圆形	白色	高	类型 I
ML003	圆形	白色	低	类型 II
MS003	不规则	淡黄色	低	类型 III
QA001	不规则	白色	高	类型 III
SL008	圆形	白色	高	类型 II



A;BQI031;B;FJ025;C;BA008;D;HG002;E;MS003;F;DQ001.

图1 不同菌株的菌落形态差异

Fig.1 Differentiation of colonies of different strains

2.1.4 不同菌株产生菌核的数量、大小和重量 如表4所示,菌核形态分圆形和椭圆形两种,圆形占72.7%,不同菌丝亲和群菌株间菌核形状无差别。菌核数量、大小和重量差异性大,平均每皿产21个菌核;菌核直径平均值是0.28 cm,变幅为0.13 ~ 0.53 cm;菌核平均粒重0.018 g,变幅为0.007 ~ 0.034 g,其中有6个菌株的菌核粒重大于平均值,占产菌核菌株的54.55%。培养皿中菌核少则直径偏大,极大极小的菌核重量适中,直径在0.2 ~ 0.3 cm的菌核粒重最重。

表4 不同菌株产生菌核的形态特征

Table 4 Sclerotium morphological characteristics of strains

菌株 Strains	菌核数量 The number of sclerotium per dish	菌核形状 Sclerotium shape	菌核直径 Sclerotium diameter/cm	湿重 Wet weight /g	干重 Dry weight /g	菌核粒重 Weight of sclerotium/g
BA008	46	圆	0.16	0.80	0.44	0.010
BQ025	3	圆	0.21	0.034	0.03	0.010
BQI023	30	椭圆	0.15	0.31	0.22	0.007
BQI031	28	椭圆	0.23	1.15	0.94	0.034
DQ001	0	-	-	-	-	-
FJ025	28	圆	0.13	0.37	0.21	0.007
HG002	25	椭圆	0.34	0.72	0.43	0.017
HH017	5	圆	0.28	0.27	0.16	0.032
ML003	38	圆	0.39	2.03	0.72	0.019
MS003	26	圆	0.43	1.59	0.49	0.019
QA001	6	圆	0.24	0.18	0.15	0.025
SL008	27	圆	0.53	1.52	0.50	0.019
平均值	21.83	-	0.28	0.82	0.39	0.018

由表5方差分析结果可知, $F$ 值均大于 $F_{crit}$ 值,原假设不同菌丝亲和群菌株间无差异性不成立,来自不同菌丝亲和群的菌株之间存在差异性,且差异极显著( $P<0.001$ )。

表 5 不同菌丝亲和群菌株产生菌核特性的方差分析  
Table 5 Variance analysis of *sclerotium* characters of stains from different MCGs

	差异源 Source	SS	df	MS	<i>F</i>	<i>P</i> -value	<i>F</i> crit
菌核数量 The number of <i>sclerotium</i> per dish	组间 Group	15.1781	11	1.3798	6.9971	0.0000	2.2163
	组内 Intergroup	4.7328	24	0.1972			
	总计 Total	19.9109	35				
菌核鲜重 Fresh weight of <i>sclerotium</i>	组间 Group	7223	11	656.6364	17.3943	0.0000	2.2163
	组内 Intergroup	906	24	37075			
	总计 Total	8129	35				
菌核粒重 Weight of <i>sclerotium</i>	组间 Group	0.01294	11	0.0012	5.7631	0.0000	2.2163
	组内 Intergroup	0.004011	24	0.0002			
	总计 Total	0.0170	35				

2.2 SSR 分析

2.2.1 不同菌丝亲和群菌株的 SSR 扩增结果 12 个菌株经 6 对引物(表 6)扩增,共得到 36 条谱带,多分布在 750~3 000 bp 区域,其中特征性条带 27

条,占总带数的 81.8%。每对引物平均特征性条带数目为 5.5 条,其中第 3 对引物的多态性比率最高,多态性片段比率为 100%;第 2 对引物最低,多态性片段比率为 66.7%(表 6)。

表 6 6 对引物 SSR 扩增条带多态性

Table 6 Polymorphic bands amplified by six different SSR primer pairs

引物 Primers	序列 Sequence	扩增片段数目 No. of amplified bands	多态性片段数目 No. of polymorphic bands	多态性片段比率 Rate of polymorphic bands/%
1	CGATAATTTCCCTCACTTGC GGAAGTCCTGATATCGTTGAGG	5	4	80.0
2	CAGACGAATGAGAAGCGAAC TTCAAAACAACGCTCCTGG	3	2	66.7
3	TCATAGTGAGTGCATGATGCC CAGGGATGACTTTGGAATGG	6	6	100.0
4	TCGCCTCAGAAGAATGTGC AGCGGGTTACAAGGAGATGG	7	6	85.7
5	ATCCCTAACATCCCTAACGC GGAGAATTGAAGAATTGAATGC	5	4	80.0
6	GCTCCTGTATACCATGTCTTG GGACTTTCGGACATGATGAT	7	5	71.4
总计 Total		33	27	81.8
平均 Average		5.5	4.5	81.8

2.2.2 不同菌丝亲和群菌株的聚类分析 图 2 聚类结果显示了菌株间丰富的遗传多样性。在相似系数 0.76 处,12 个菌株分为 5 个亲和群,与菌丝亲和群的相似度达 41.67%;当相似系数 0.82 时,12 个菌株分为 8 个亲和群,与菌丝亲和群的相似度达 66.67%。SSR 分析结果与 MCG 的试验结果有着高度的一致性,且相似系数越高,两个试验的一致性越高。由此可见,MCG 是检验核盘菌菌株间差异性的一种简单快捷方法。

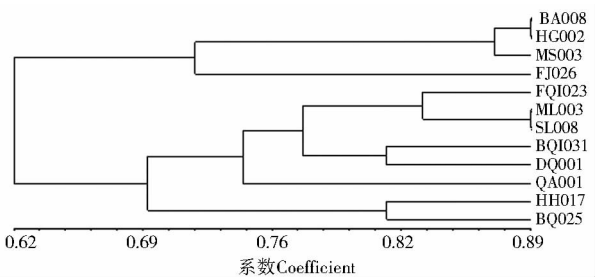


图 2 不同菌丝亲和群内菌株的 SSR 聚类图  
Fig.2 SSR dendrogram of strains from different MCGs

### 3 结论与讨论

本研究表明,不同菌丝亲和群菌株的形态学差异显著,这与战宇航等的研究结果相似<sup>[13-15]</sup>。经形态学比较,菌落颜色分为白色和淡黄色,菌落形状有圆形和不规则两种。多数菌株恒温培养 96 h 长满培养皿,菌丝日增长速度不同,其中 8 个菌株日增长速率快于平均日增长速率;未长满培养皿的菌株,50% 菌落形状不规则。随着培养时间增加,菌落形状不规则几率增大。初步判断是由菌株内寄生其他微生物,或菌株遗传结构发生变化所致。生长缓慢的菌株中,除 DQ001 不产菌核,其余 3 个菌株(BQ025,HH017,QA001)产菌核少,粒重大,可见菌丝生长速率与产核能力不相关,产核能力不受菌丝生长速率影响。菌株产菌核数量少,则菌核直径偏大,直径在 0.2~0.3 cm 的菌核粒重较大。SSR 分析不同菌丝亲和群菌株遗传差异性结果与 MCG 试验结果高度一致,且相似系数越高,一致性越高。由此可见,MCG 是检验核盘菌菌株之间差异性的一种简单快捷的方法。

本研究中 12 个菌株样本采自黑龙江省 10 个市的 11 个县,均不亲和其他菌株独立成群,不同菌丝亲和群菌株遗传差异大,随着大豆种植区地理距离的增加,菌核病致病菌株间差异也随之增大。不同菌丝亲和群核盘菌存在较大异质性,菌丝亲和群数量越多,病原菌的遗传类型越复杂,以致黑龙江大豆抗菌核病育种及化学防治存在一定困难。

### 参考文献

- [1] 陈卫民,陈祥,宋红梅,等. 新疆大豆菌核病研究初报[J]. 大豆通报,2003(5):14. (Chen W M, Chen X, Song H M, et al. The preliminary report of soybean *Sclerotinia sclerotiorum* in Xinjiang region[J]. Soybean Bulletin, 2003(5):14. )
- [2] Bolton M, Thomma B, Nelson B. *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary: biology and molecular traits of a cosmopolitan pathogen[J]. Molecular Plant Pathology, 2006, 7(1):1-16.
- [3] 赵丹,许艳丽,李春杰. 大豆菌核病的识别与综合防治[J]. 大豆通报,2006(3):15-16. (Zhao D, Xu Y L, Li C J. Identification and integrated managements for soybean *Sclerotinia sclerotiorum* [J]. Soybean Bulletin, 2006(3):15-16. )
- [4] 董志敏,王曙明,刘玉芝,等. 大豆抗菌核病研究进展[J]. 大豆科学,2008,27(6):1053-1057. (Dong Z M, Wang S M, Liu Y Z, et al. Progress on resistance to *Sclerotinia sclerotiorum* in soybean [J]. Soybean Science, 2008, 27(6):1053-1057. )
- [5] 董全中. 大豆菌核病的发生规律及综合防治[J]. 大豆通报, 2003(3):56-63. (Dong Q Z. Occurrence of soybean *Sclerotinia* and integrated control[J]. Soybean Bulletin, 2003(3):56-63. )
- [6] 韩立新,刘颖,吴晓艳,等. 大豆菌核病流行原因分析及综合治理措施[J]. 上海农业科技,2006(6):35-41. (Hang L X, Liu Y, Wu X Y, et al. Popular reasons analysis of soybean *Sclerotinia* and comprehensive control measures[J]. Shanghai Agricultural Science and Technology, 2006(6):35-41. )
- [7] 刘宇. 大豆菌核病的发生及防治措施[J]. 黑龙江科技信息, 2010, 29:253. (Liu Y. Occurrence of soybean *Sclerotinia* and prevention measures[J]. Heilongjiang Scientific and Technological Information, 2010, 29:253. )
- [8] 孙君明. 不同菌核病(*Sclerotinia sclerotiorum*)分离物的形态学、致病性和遗传多样性的研究[D]. 北京:中国农业大学,2005. (Sun J M. Determination of morphology, pathogenicity and genetic diversity of *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary isolates from different origins[D]. Beijing: China Agricultural University, 2005. )
- [9] 李佳,沈斌章,韩继祥,等. 一种有效提取油菜叶片总 DNA 的方法[J]. 华中农业大学学报,1994,13(5):521-523. (Li J, Shen B Z, Han J X, et al. An effective method of extract rapeseed leaf DNA[J]. Journal of Huazhong Agricultural University, 1994, 13(5):521-523. )
- [10] 王玉杰. 向日葵菌核病病原菌遗传多样性及致病力分化的研究[D]. 呼和浩特:内蒙古农业大学,2011. (Wang Y J. Genetic diversity and pathogenicity variation of *Sclerotinia sclerotiorum* in Sunflower[D]. Hohhot: Inner Mongolia: Inner Mongolia Agricultural University, 2011. )
- [11] Sebastian R L, Howell E C, King G J, et al. An integrated AFLP and RFLP *Brassica oleracea* linkage map from two morphologically distinct doubled-haploid mapping population[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2000, 100(1):75-81.
- [12] 刘东,代丽婷,蒲子婧,等. 黄瓜枯萎病菌毒力、营养体亲和性及 ISSR 分析[J]. 植物病理学报,2012,42(5):456-465. (Liu D, Dai L T, Pu Z J, et al. Virulence, vegetative compatibility and ISSR analysis of *Fusarium oxysporum* f. Sp. *Cucumarium* [J]. Acta Phytopathologica Sinica, 2012, 42(5):456-465. )
- [13] 战宇航,宋巍巍,范冬梅,等. 黑龙江省不同地区大豆菌核病病原菌分离物的形态学分析[J]. 大豆科学,2010,29(1):72-76. (Zhan Y H, Song W W, Fan D M, et al. Morphological trait analysis of soybean *Sclerotinia sclerotiorum* isolates derived from different location of Heilongjiang province[J]. Soybean Science, 2010, 29(1):72-76. )
- [14] Akram A, Iqbal S M, Ahmad N, et al. Morphological variability and mycelial compatibility among the isolates of *Sclerotinia sclerotiorum* associated with stem rot of chickpea[J]. Pakistan Journal of Botany, 2008, 40(6):2663-2668.
- [15] 张吉清,张学雷,肖炎农,等. 黑龙江省大豆菌核病菌生长特性及菌丝体亲和型测定[J]. 中国油料作物学报,2013,35(3):307-312. (Zhang J Q, Zhang X L, Xiao Y N, et al. Biological characteristics and mycelial compatibility of *Sclerotinia sclerotiorum* from soybean in Heilongjiang province[J]. Chinese Journal of Oil Crops Sciences, 2013, 35(3):307-312. )