



黄淮海地区大豆种质资源对疫霉根腐病的抗性鉴定

杨 瑾, 汪孝瑞, 叶文武, 郑小波, 王源超

(南京农业大学 植物保护学院, 江苏 南京 210095)

摘要:为系统鉴定黄淮海地区大豆种质资源对大豆疫霉根腐病的抗性,本研究采用改进的黄花苗下胚轴接种方法,利用8个大豆疫霉根腐病菌株对2017和2018年从黄淮海地区各育种单位收集的381个大豆品种(系)进行抗性鉴定。结果显示:22个品种(系)对超强毒力菌株PsJS2表现抗性,超过90%的品种(系)对弱毒力菌株Ps1、Ps3和Ps5均表现抗性。所有大豆品种(系)对8个菌株共产生36种反应型。将待鉴定品种(系)与鉴别寄主对8个大豆疫霉菌株的反应型进行比较,其中有63个品种(系)可能含有抗病基因*Rps1b*,36个可能含有抗病基因*Rps3a*,15个可能含有*Rps1d*;255个品种(系)的32种反应型与任何已知鉴别寄主的反应型均不一致,表明可能含有新的抗病基因或抗病基因的组合。本研究通过室内快速抗性鉴定,发现河南、河北、北京、安徽、山东、山西等地均含有丰富的大豆抗病种质资源,且具有丰富的抗性多样性。其中,河南、山东等地含有丰富的含有抗病基因*Rps1b*的抗性资源,河北、北京等地含有丰富的含有抗病基因*Rps3a*的抗病资源,为抗大豆疫霉根腐病的大豆种质利用及抗病基因挖掘提供了重要参考。
关键词:根腐病;大豆疫霉;大豆种质资源;抗性鉴定;抗病基因;黄淮海地区

Identification of Soybean Resistance to *Phytophthora sojae* in the Germplasm Resources from Huanghuaihai Region of China

YANG Jin, WANG Xiao-men, YE Wen-wu, ZHENG Xiao-bo, WANG Yuan-chao

(College of Plant Protection, Nanjing Agricultural University, Nanjing 210095, China)

Abstract: To identify the resistance level of the soybean cultivars (lines) from Huanghuaihai region to *Phytophthora sojae* (*P. sojae*) systematically, we used 381 soybean cultivars (lines) collected in 2017 and 2018 from various soybean breeding institutes, 8 representative *P. sojae* isolates, and a modified etiolated hypocotyl inoculation method. We found that 22 cultivars (lines) showed resistance to the strong virulent strain PsJS2, and more than 90% cultivars (lines) were resistant to the weak virulent strains Ps1, Ps3 and Ps5. All the cultivars (lines) exhibited 36 resistant/susceptible reaction patterns. The reaction patterns of target cultivars (lines) were compared with the differential lines to the 8 isolates. The reaction pattern occurring in 63 cultivars (lines) was consistent with that in the differential line carrying *Rps1b*, 36 cultivars (lines) produced reaction pattern coincide with *Rps3a* and 15 were postulated that contained *Rps1d*. The other 32 reaction patterns produced by 255 cultivars (lines), not consistent with any known differential line, may contain new *Rps* gene(s). Therefore, we found abundant resistant cultivars (lines) and diversity in Henan, Hebei, Beijing, Anhui, Shandong and Shanxi used a quickly method in greenhouse. Henan and Shandong possess abundant soybean cultivars (lines) containing *Rps1b*, Hebei and Beijing possess abundant soybean cultivars (lines) containing *Rps3a*. The data provided useful information for germplasm sources deployment during soybean breeding.

Keywords: Root rot; *Phytophthora sojae*; Soybean germplasm resources; Disease resistance identification; Resistance genes; Huanghuaihai region

由大豆疫霉菌(*Phytophthora sojae*)侵染大豆引起的大豆根腐病(大豆疫病)是一种毁灭性病害,可造成田间4%~100%的产量损失^[1],每年给全球大豆生产造成10~20亿美元的直接经济损失^[2]。在美国北部和中部,大豆疫病是限制当地大豆产量的第二大病害^[3]。在我国黄淮海和北方大豆产区,大豆疫霉也是引起根腐病的主要病原菌,特别是在雨季或田间灌溉积水情况下,病害发生和传播速度加快,经常导致缺苗或成片枯死,产量损失重则达到30%以上,甚至导致绝收^[4]。

使用抗病品种是防治大豆疫病最为经济有效的方法。大豆与大豆疫霉菌的互作符合“基因对基

因”学说,即针对含有特定无毒基因(avirulence gene)的大豆疫霉菌,由含有相应的单抗病基因的大豆品种,就能够有效地防止大豆疫病发生^[5]。迄今为止,大豆上至少已经有27个抗大豆疫霉的抗病基因(resistance to *P. sojae*, *Rps* gene)被鉴定,包括:*Rps1a*、*Rps1b*、*Rps1c*、*Rps1d*、*Rps1k*、*Rps2*、*Rps3a*、*Rps3b*、*Rps3c*、*Rps4*、*Rps5*、*Rps6*、*Rps7*^[6]、*Rps8*^[7]、*Rps9*^[8]、*Rps10*^[9]、*Rps11*^[10]、*Rps12*^[11]、*RpsYD25*^[12]、*RpsYu25*^[13]、*RpsYD29*^[14]、*RpsUNI*^[15]、*RpsJS*^[16]、*RpsSN10*^[17]、*RpsYB30*^[18]、*RpsWaseshiroge*^[9]和*RpsZS18*^[19]。在美国大豆生产中,*Rps1a*首先被广泛利用^[5],而在过去的几十年间,表现最稳定且利用

收稿日期:2019-06-19

基金项目:国家公益性行业农业科研专项(201303018);现代农业产业技术体系建设专项(CARS-004-PS14)。

第一作者简介:杨瑾(1992-),女,博士,主要从事卵菌与真菌分子遗传研究。E-mail:2014202020@njau.edu.cn。

通讯作者:王源超(1968-),男,博士,教授,博导,主要从事卵菌与真菌分子遗传研究。E-mail:wangyc@njau.edu.cn。

最广泛的则是 *Rps1k*^[20]。2010 年的报道中指出, *Rps1d* 和 *Rps1k* 在日本大豆生产中最为有效^[1]。目前,在我国抗 1 号生理小种的绥农 10 号(携带抗病基因 *RpsSN10*)在黑龙江被广泛推广种植,在三江平原大豆疫霉根腐病重病区对病害的防控起到了重要的作用^[17]。豫豆 25(携带抗病基因 *RpsYD25*)是当前黄淮地区广泛栽培的优良大豆品种^[12]。

Lohnes 等^[21]利用小种 Race 1、3、7 和 25 等对中国中部的大豆品系的抗性评价结果表明,对 Race 1、3 和 25 产生抗性的大豆品系明显集中于安徽,对 Race 7 产生抗性的品系集中于安徽和江苏,而来自安徽和江苏的 76 个品系中仅有 5 个品系对 4 个菌株均表现感病,表明安徽和江苏存在非常丰富的抗性资源,51 个品系对 4 个菌株均抗病,推导出这 51 个品系含有 *Rps1d* 或 *Rps3b*,其中来自安徽、河南和山东的品系分别有 22、14 和 8 个,因此推测抗病基因 *Rps1d* 来源于中国安徽、河南等地。之后,朱振东等^[22]对中国南部的大豆种质进行抗性鉴定,发现来自湖北、江苏和四川的大部分种质能够对 10 个菌中的 8 个及以上产生抗性,表明这些地区含有丰富的抗性资源。朱振东等^[22]用下胚轴创伤接种方法鉴定了 120 个栽培大豆品种(系)对 10 个具有不同毒力的大豆疫霉菌株的抗性,发现河南的大豆品种(系)对大豆疫霉的抗性最丰富,安徽、湖北和山西的大豆品种(系)也具有抗性多样性。根据抗病基因结果推导 *Rps1b*、*Rps1c*、*Rps4*、*Rps7* 以及新的抗病基因存在。李晓那等^[23]对我国黄淮海地区大豆主栽品种进行抗性鉴定,表明黄淮海地区大豆品种对抗疫霉根腐病存在丰富的抗性多样性。

随着大豆抗病品种的连续使用,大豆疫霉菌在田间受到高强度的选择压力,变异加快进而导致抗病基因失效。据报道,由单基因控制的抗性品种可在 8~15 年失效^[5]。Dorrance 等^[24]于 2011~2012 年收集了美国 11 个州的 873 株大豆疫霉菌株,共鉴定出 213 种毒力型,并发现过去广泛利用的 *Rps1a*、*Rps1c*、*Rps1k* 等抗病基因均已失效,而病原菌对 *Rps6* 和 *Rps8* 的毒性频率则分别是仅为 6% 和 10%,表明这两个抗病基因可能成为美国新的有效抗病基因。

筛选种质资源培育高效抗病的大豆品种,并根据不同地区的病原菌毒力特征来合理使用抗病品种,对于防治大豆疫病至关重要。我国是世界大豆的起源中心,拥有丰富的大豆种质资源。但长期以来,大豆种质资源对大豆疫病的抗性情况以及所携带的抗病基因仍有待系统鉴定与分析,尤其是缺乏近年来育成品种的抗性鉴定和抗性品种的进一步发掘。为了调查近年来我国大豆种质资源育成品种对疫霉根腐病的抗性水平,帮助筛选优良的抗病种质资源,本研究于 2017 和 2018 年对我国黄淮海

地区的 381 个大豆品种(系),采用改进过的黄化苗下胚轴接种方法,在室内进行了快速抗性鉴定,分析结果对该地区大豆抗病品种的选育和田间布局利用具有重要参考价值。

1 材料与方法

1.1 材料

1.1.1 大豆种质 供试材料包括一套含单抗病基因的大豆鉴别寄主体系,大豆品种及其所含抗病基因分别为:Harlon (*Rps1a*)、Harosoy 13XX (*Rps1b*)、Williams 79 (*Rps1c*)、PI 103091 (*Rps1d*)、Williams 82 (*Rps1k*)、L76-1988 (*Rps2*)、Chapman (*Rps3a*)、PRX146-36 (*Rps3b*)、PRX145-48 (*Rps3c*)、L85-2352 (*Rps4*)、L85-3059 (*Rps5*)、Harosoy 62XX (*Rps6*)、Harosoy (*Rps7*)和 PI 399073 (*Rps8*),由南京农业大学农学院提供。Williams 和合丰 47 为感病品种对照,分别由南京农业大学邢邯教授和黑龙江省农业科学院佳木斯分院提供。用于抗性鉴定的大豆品种(系)分别于 2017 和 2018 年搜集自黄淮海地区各育种单位,381 个大豆品种(系)中,有 84 个来自河南省育种单位,72 个来自河北,66 个来自北京,64 个来自山东,31 个来自安徽,20 个来自山西,9 个来自江苏,6 个来自陕西,5 个来自甘肃,2 个来自宁夏,由中国农业科学院作物科学研究所统一收集提供。

1.1.2 供试菌株及培养 用于抗性鉴定的 8 个具有代表性毒力型的大豆疫霉菌株(Ps1、Ps3、Ps4、Ps5、PsMC1、Ps41-1、PsUSAR2 和 PsJS2)由中国农业科学院作物科学研究所提供。所有菌株由单卵孢子于 10% V8 培养基培养而成,菌株在 10% V8 培养基斜面上保存,于 10~12℃ 黑暗培养。接种大豆之前,从斜面转接至培养基活化 3 代,恢复生长。所有大豆疫霉菌株均在 25℃ 黑暗条件下培养。

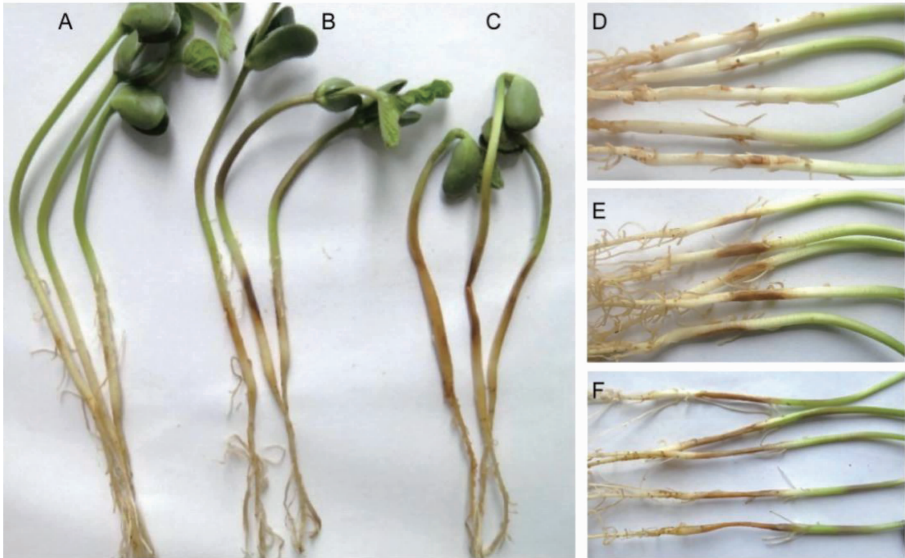
1.2 方法

1.2.1 菌株接种方法及抗性评价标准 采用菌丝块接种大豆黄化苗下胚轴的方法(简称黄化苗下胚轴接种法),在 Dorrance 等^[6]和 Dong 等^[25]的方法基础上加以改进,具体如下:(1)将种植 4 d 的大豆黄化苗用自来水冲洗干净;(2)在 25℃ 黑暗条件下培养 5 d 的大豆疫霉菌落边缘,打出直径 1.5 cm 的菌丝块;(3)菌丝面接触黄化苗,贴在大豆苗距离茎基部 3 cm 左右的下胚轴处;(4)用灭菌水湿润的吸水纸将下胚轴及其以下部分进行包裹,每个品种 5 个重复,再用锡箔纸进行包裹;(5)25℃,10 h 光、14 h 黑暗的条件下,保湿 4 d 后查看病斑扩展情况、根部生长情况、子叶上部生长情况。每个试验重复两次,结果为中间类型的试验至少重复 3 次。对 8 个菌株的毒力型同样采用黄化苗下胚轴接种方法进行

行测定,每个品种 10 棵幼苗,至少设 3 次毒力重复试验。

大豆品种对疫霉菌的抗感性评价标准:抗病型(R),接种菌丝块处没有变褐,与接种琼脂块无异,或菌丝块接触面稍微变褐;中间型(I),植株生长正常,根系生长正常,接种处表皮变褐,维管束正常,未绕茎扩展或绕茎扩展,但未上下扩展;感病型(S),植株比对照矮小,病斑上下扩展,或子叶以下

全株变褐,植株矮小,根系几乎未长(图 1)。
1.2.2 抗病基因推导 参照 Kyle 等^[26] 抗病基因推到方法,将中间型(I)也归入抗病型(R)之中;参照陈晓玲等^[27] 的基因推导方法,在“基因对基因学说”的基础上,将待鉴定品种(系)与鉴别寄主对 8 个大豆疫霉菌株的反应型进行比较,若二者一致,则说明供试大豆品种(系)可能携带与该鉴别寄主相同的抗病基因或抗病基因组合。



A、D 代表抗病型(R);B、E 代表中间型(I);C、F 代表感病型(S)。
A and D indicate the phenotype of resistance (R); B and E indicate the phenotype of intermediate resistance (I); C and F indicate the phenotype of susceptible (S).

图 1 抗性鉴定标准
Fig. 1 The standards of evaluation resistance

2 结果与分析

2.1 代表性大豆疫霉菌株的毒力型测定

8 个代表性大豆疫霉菌株的毒力型测定结果如表 1 所示。其中,PsJS2(1a、1b、1c、1d、1k、2、3a、3b、

3c、4、5、6、7、8)能够克服所有的 14 个已知抗病基因,即不包含已知的无毒基因;Ps1(7)、Ps3(1a、7)和 Ps4(1a、1c、7)等菌株的毒力则相对较弱,仅能克服 1~3 个抗病基因。

表 1 14 个大豆鉴别寄主及对照对 8 个大豆疫霉菌株的反应型

Table 1 Reactions of 14 soybean differential lines and the controls inoculated with 8 representative <i>P. sojae</i> isolates		大豆疫霉菌株 <i>P. sojae</i> isolates								反应型
大豆 Soybean	抗病基因 <i>Rps</i> gene	Ps1	Ps3	Ps4	Ps5	PsUSAR2	Ps41-1	PsMCI	PsJS2	Reaction pattern
Harlon	<i>Rps1a</i>	R	S	S	S	R	S	S	S	RSSSRSSS
Harosoy 13XX	<i>Rps1b</i>	R	R	R	R	S	R	R	S	RRRRSRRS
Williams 79	<i>Rps1c</i>	R	R	S	S	R	R	S	S	RRSSRRSS
PI 103091	<i>Rps1d</i>	R	R	R	R	R	S	R	S	RRRRRSRS
Williams 82	<i>Rps1k</i>	R	R	R	R	R	R	S	S	RRRRRRSS
L76-1988	<i>Rps2</i>	R	R	R	R	S	S	S	S	RRRRSSSS
Chapman	<i>Rps3a</i>	R	R	R	R	R	R	R	S	RRRRRRRS
PRX-146-36	<i>Rps3b</i>	R	R	R	R	R	S	S	S	RRRRRSSS
PRX-145-48	<i>Rps3c</i>	R	R	R	R	S	S	S	S	RRRRSSSS
L85-2352	<i>Rps4</i>	R	R	R	R	R	R	S	S	RRRRRRSS
L85-3059	<i>Rps5</i>	R	R	R	R	S	S	S	S	RRRRSSSS

续表 1

大豆 Soybean	抗病基因 <i>Rps</i> gene	大豆疫霉菌株 <i>P. sojae</i> isolates								反应型
		Ps1	Ps3	Ps4	Ps5	PsUSAR2	Ps41-1	PsMC1	PsJS2	Reaction pattern
Harosoy 62XX	<i>Rps6</i>	R	R	R	S	R	R	S	S	RRRSRRSS
Harosoy	<i>Rps7</i>	S	S	S	S	S	S	S	S	SSSSSSSS
PI 399073	<i>Rps8</i>	R	R	R	R	R	S	S	S	RRRRRRSS
Williams	<i>rps</i>	S	S	S	S	S	S	S	S	SSSSSSSS
合丰 47 Hefeng 47	<i>rps</i>	R	R	S	R	S	S	S	S	RRSRSSSS

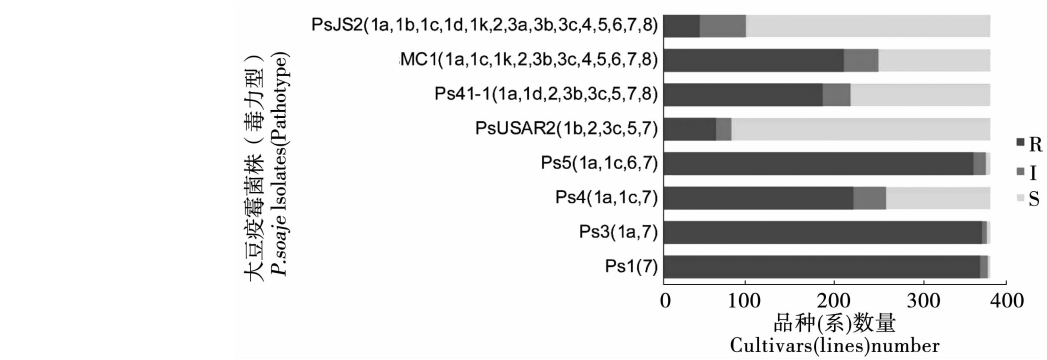
反应型表示依次对 Ps1、Ps3、Ps4、Ps5、PsUSAR2、Ps41-1、PsMC1 和 PsJS2 的反应型。R：高抗；S：敏感。下同。

Reaction patttns followed the order *P. sojae* isolates Ps1, Ps3, Ps4, Ps5, PsUSAR2, Ps41-1, PsMC1, and PsJS2. R: Resistant; S: Susceptible. The same below.

通过比较 14 个鉴别寄主对 8 个菌株的反应型，发现含有 *Rps1a*、*Rps1b*、*Rps1c*、*Rps1d*、*Rps3a* 和 *Rps6* 这 6 个抗病基因的鉴别寄主对 8 个菌的反应型能够被完全区分，而含有 *Rps1k*、*Rps2*、*Rps3b*、*Rps3c*、*Rps4*、*Rps5*、*Rps7* 和 *Rps8* 这 8 个抗病基因的鉴别寄主对 8 个菌的反应型则不能被完全区分，即根据对这 8 个菌株的反应型能够推导出供试的大豆品种（系）是否含有 *Rps1a*、*Rps1b*、*Rps1c*、*Rps1d*、*Rps3a* 和 *Rps6* 这 6 个抗病基因，新的反应型则可能含有新的抗病基因。

2.2 大豆种质抗性鉴定结果分析

381 个大豆品种（系）中 90% 以上对弱毒力菌株 Ps1、Ps3 和 Ps5 表现抗性（图 2），其中 368 个品种（系）对 Ps1 表现抗性（96.6%）；反之，对超级毒力菌株 PsJS2 的抗性比例最低，仅 11.0%。266 个品种（系）能够抗 5 个以上菌株，占鉴定总数的 69.8%（图 3），其中能够抗 6 个菌株的品种（系）数量最多，占鉴定总数的 25.5%，有 22 个品种（系）对所有 8 个菌株均表现抗性，68 个品种（系）对 7 个菌株表现抗性。



R:抗病型;I:中间型;S:感病型。下同。

R: Resistance; I: Intermediate resistance; S: Susceptible. The same below.

图 2 供试大豆种质对 8 个大豆疫霉菌株的抗性鉴定结果

Fig. 2 Characterization of *Phytophthora sojae*-resistance for the collected soybean germplasm

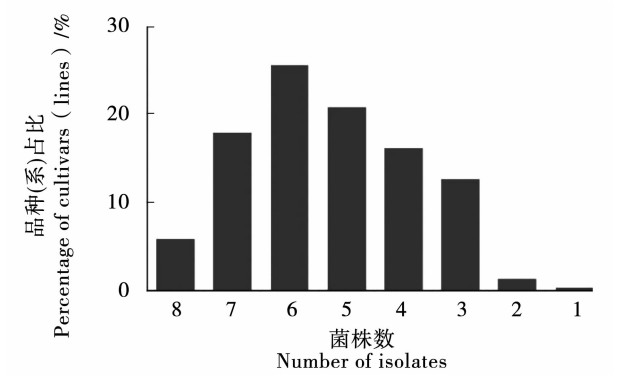


图 3 高抗与中抗大豆疫霉菌株的大豆种质比例

Fig. 3 Percentage of soybean cultivars (lines) showing resistance or intermediate resistance to the indicated number of *P. sojae* isolates

2.3 大豆种质抗病基因推导及其分布

381 个大豆品种（系）对 8 个菌株共产生 36 种反应型，其中有 63 个大豆品种（系）产生反应型 RRRRSRRS，与含有抗病基因 *Rps1b* 的鉴别寄主对这 8 个菌株的反应型一致，表明这些大豆种质可能含有抗病基因 *Rps1b*；36 个大豆品种（系）产生反应型 RRRRRRRS，与含有抗病基因 *Rps3a* 的鉴别寄主的反应型一致，表明这些种质可能含有抗病基因 *Rps3a*；有 22 个品种（系）产生反应型 RRRRSSSS，可能含有抗病基因 *Rps2* 或 *Rps3c* 或 *Rps5* 或抗病基因的组合。5 个品种（系）产生反应型 RRRRSSSR，可能含有抗病基因 *Rps1d*。此外，有 255 个品种（系）产生的 32 种反应型尚无法推导出已知抗病基因，可能含有新的抗病基因或抗病基因组合（表 2）。

表 2 抗病基因推导及分布
Table 2 Resistance genes postulation and distribution

反应型 Reaction type	年份		抗病基因推导 <i>Rps</i> gene	品种(系)来源										
	2017	2018		安徽	北京	甘肃	河北	河南	宁夏	江苏	山东	山西	陕西	其它
				Anhui	Beijing	Gansu	Hebei	Henan	Ningxia	Jiangsu	Shandong	Shanxi	Shaanxi	Other
RRRRSRRS	21	42	<i>Rps1b</i>	4	6	1	5	23	0	2	16	1	2	3
RRSRSSSS	19	26	—	3	10	1	10	6	0	1	8	2	0	4
RRRRRRRS	11	25	<i>Rps3a</i>	3	9	0	10	3	0	1	6	3	1	0
RRRSRSRS	18	12	—	4	1	0	3	11	0	0	8	1	1	1
RRRSRRRR	20	7	—	5	3	1	3	9	0	2	3	0	0	1
RRRRSSRS	11	16	—	1	6	1	6	2	0	2	4	1	0	4
RRSRSSRS	3	20	—	0	7	1	6	1	0	0	3	2	1	2
RRRRRRRR	17	5	—	2	7	0	6	6	0	0	1	0	0	0
RRRRSSSS	11	11	<i>Rps2, Rps3c, Rps5</i>	3	1	0	5	1	0	0	8	2	1	1
RRRSRRRR	11	3	—	0	1	0	6	3	0	0	1	2	0	1
RRSRRRRS	4	4	—	0	1	0	1	2	1	0	2	1	0	0
RRSRRRRS	3	5	—	0	4	0	1	0	1	0	1	1	0	0
RRSRSSSR	6	0	—	1	0	0	2	2	0	1	0	0	0	0
RRSRRSRS	5	1	<i>Rps1d</i>	0	0	0	1	2	0	0	1	2	0	0
RRRSRSRR	5	0	—	0	1	0	1	3	0	0	0	0	0	0
RRRSSSSR	4	1	—	1	1	0	1	1	0	0	0	1	0	0
RRSRSSRR	4	0	—	1	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0
RRRRRSRS	3	1	—	2	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0
RRSRRRRR	1	2	—	0	0	0	0	2	0	0	1	0	0	0
RRRRRSRR	2	0	—	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0
RRSRRSRR	2	0	—	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
SRSRSSSS	2	0	—	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
RRSRRRRR	2	0	—	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
RSSRSRS	1	1	—	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0
RRSRSSSS	1	1	—	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1
SRSRSRRS	1	0	—	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
RRSSSSRS	1	0	—	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
RRSSRRRS	1	0	—	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
RRRSSSRR	1	0	—	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
RRRRRRSR	1	0	—	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
SSSSRRSS	1	0	—	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
RRSRRRSS	1	0	—	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
RSSRSSSS	1	0	—	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
RRSRRSRS	0	1	—	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
RRSSSSSS	0	1	—	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
RSSSSSR	0	1	—	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1

— :未推导出抗性基因。
— : The reaction patterns which were not postulated to contain known *Rps* genes.

对含有抗病基因的大豆品种(系)的地区分布进行分析,发现含有抗病基因 *Rps1b* 和 *Rps3a* 的大豆品种(系)在除了宁夏的各地均有分布。来自河南的大豆品种(系)中,有 27.4% 可能含有抗病基因 *Rps1b*,2 个品种(系)可能含有 *Rps1d*。来自河北的大豆品种(系)中有 10 个可能含有 *Rps3a*,5 个可能含有 *Rps1b*,1 个可能含有 *Rps1d*。来自北京的大豆

品种(系)中 9 个可能含有 *Rps3a*,6 个可能含有 *Rps1b*。来自山东的大豆品种(系)中,有 16 个可能含有 *Rps1b*,6 个可能含有 *Rps3a*。来自安徽的大豆品种(系)中,4 个可能含有 *Rps1b*,3 个可能含有 *Rps3a*。山西的 20 个大豆品种(系)中,3 个可能含有 *Rps3a*,1 个可能含有 *Rps1b*,2 个可能含有 *Rps1d* (表 3)。

表 3 品种(系)反应型及分布
Table 3 Reaction patterns and distribution of soybean cultivars (lines)

品种(系) Cultivar/line	地区 Region	反应型 Reaction type	品种(系) Cultivar/line	地区 Region	反应型 Reaction type	品种(系) Cultivar/line	地区 Region	反应型 Reaction type
安豆 109	河南	RRRRRRRR	皖豆 920	安徽	RRRRRRRS	济 G15287	山东	RRRSRRRR
圣豆 102	山东	RRRRRRRR	中豆 1724	北京	RRRRRRRS	洛 1119	河南	RRRSRRRR
中豆 4901	北京	RRRRRRRR	中豆 1753	北京	RRRRRRRS	漯 1707	河南	RRRSRRRR
中黄 203	北京	RRRRRRRR	中豆 5501	北京	RRRRRRRS	漯 1714	河南	RRRSRRRR
中作 10-783	北京	RRRRRRRR	中黄 104	北京	RRRRRRRS	漯 4904	河南	RRRSRRRR
安豆 115	河南	RRRRRRRR	中品 16610	北京	RRRRRRRS	濮豆 748	河南	RRRSRRRR
安豆 1498	河南	RRRRRRRR	中作 08-08	北京	RRRRRRRS	山大 1 号	山东	RRRSRRRR
沧豆 09Y2	河北	RRRRRRRR	中作 11-516	北京	RRRRRRRS	潍科 45	安徽	RRRSRRRR
邯 15-324	河北	RRRRRRRR	中作 J16118	北京	RRRRRRRS	皖宿 1019	安徽	RRRSRRRR
邯 617	河北	RRRRRRRR	沧豆 1159	河北	RRRRRRRS	皖宿 1091	安徽	RRRSRRRR
冀 16-16	河北	RRRRRRRR	道秋 21	山东	RRRRRRRS	皖宿 1120	安徽	RRRSRRRR
冀 16-J16	河北	RRRRRRRR	汾豆 103	山西	RRRRRRRS	徐 0117-21-3	江苏	RRRSRRRR
冀 16-J16	河北	RRRRRRRR	汾豆 104	山西	RRRRRRRS	徐 0118-9	江苏	RRRSRRRR
柳豆 109	安徽	RRRRRRRR	邯 13-25	河北	RRRRRRRS	郑 15234	河南	RRRSRRRR
洛 1305	河南	RRRRRRRR	华豆 22	山东	RRRRRRRS	中作 08-08	北京	RRRSRRRR
商豆 1712	河南	RRRRRRRR	冀 16-J10	河北	RRRRRRRS	中作 J13162	北京	RRRSRRRR
商豆 1712	河南	RRRRRRRR	漯 5901	河南	RRRRRRRS	安豆 6223	河南	RRRSRRRS
皖宿 1002	安徽	RRRRRRRR	石 12540	河北	RRRRRRRS	道秋 32	山东	RRRSRRRS
中豆 5701	北京	RRRRRRRR	皖宿 0922	安徽	RRRRRRRS	道秋 37	山东	RRRSRRRS
中黄 203	北京	RRRRRRRR	中豆 4901	北京	RRRRRRRS	泛豆 17	河南	RRRSRRRS
中黄 320	北京	RRRRRRRR	泛豆 1510	河南	RRRRRRSR	荷豆 44	山东	RRRSRRRS
中作 11-49	北京	RRRRRRRR	泛豆 12 号	河南	RRRRRSRR	华豆 21	山东	RRRSRRRS
HN0801	河北	RRRRRRRS	邯 13-429	河北	RRRRRSRR	华豆 30	山东	RRRSRRRS
安豆 115	河南	RRRRRRRS	石 773	河北	RRRRRSRS	华育 3 号	山东	RRRSRRRS
安豆 6023	河南	RRRRRRRS	皖宿 1117	安徽	RRRRRSRS	科豆 14	北京	RRRSRRRS
汾豆 106	山西	RRRRRRRS	潍豆 13	安徽	RRRRRSRS	科豆 18	北京	RRRSRRRS
邯 617	河北	RRRRRRRS	中作 11-02	北京	RRRRRSRS	科豆 26	北京	RRRSRRRS
华豆 22	山东	RRRRRRRS	邯 13-99	河北	RRRSRRRR	科豆 28	北京	RRRSRRRS
华豆 3	山东	RRRRRRRS	科豆 27	北京	RRRSRRRR	柳豆 106	安徽	RRRSRRRS
华育 2 号	山东	RRRRRRRS	陇中黄 608	甘肃	RRRSRRRR	陇中黄 607	甘肃	RRRSRRRS
冀 1702	河北	RRRRRRRS	商豆 161	河南	RRRSRRRR	漯豆 4904	河南	RRRSRRRS
冀 1708	河北	RRRRRRRS	圣豆 23	山东	RRRSRRRR	南农 G177	江苏	RRRSRRRS
柳豆 108	安徽	RRRRRRRS	科豆 1717	安徽	RRRSRRRR	秦豆 2017	陕西	RRRSRRRS
南农 G178	江苏	RRRRRRRS	中黄 103	北京	RRRSRRRR	秦豆 220	陕西	RRRSRRRS
陕豆 5 号	陕西	RRRRRRRS	安豆 331	河南	RRRSRRRR	圣豆 103	山东	RRRSRRRS
圣豆 20	山东	RRRRRRRS	安豆 5451	河南	RRRSRRRR	圣豆 13	山东	RRRSRRRS
石 335	河北	RRRRRRRS	沧豆 1153	河北	RRRSRRRR	圣豆 17	山东	RRRSRRRS
石 554	河北	RRRRRRRS	邯 13-99	河北	RRRSRRRR	圣豆 21	山东	RRRSRRRS

续表 3

品种(系)	地区	反应型	品种(系)	地区	反应型	品种(系)	地区	反应型
Cultivar/line	Region	Reaction type	Cultivar/line	Region	Reaction type	Cultivar/line	Region	Reaction type
圣育 8 号	山东	RRRRSRRS	XP33	陕西	RRRRSRSS	汾豆 103	山西	RRRRSSRS
石 12503	河北	RRRRSRRS	安豆 331	河南	RRRRSRSS	邯 14-34	河北	RRRRSSRS
石 16S379	河北	RRRRSRRS	安豆 5451	河南	RRRRSRSS	陇中黄 609	甘肃	RRRRSSRS
石 788	河北	RRRRSRRS	泛豆 1301	河南	RRRRSRSS	圣豆 22	山东	RRRRSSRS
徐 0118-9	江苏	RRRRSRRS	荷豆 40	山东	RRRRSRSS	圣豆 24	山东	RRRRSSRS
永民 3 号	安徽	RRRRSRRS	漯豆 7901	河南	RRRRSRSS	石 083	河北	RRRRSSRS
郑 1677	河南	RRRRSRRS	圣育 6 号	山东	RRRRSRSS	石 11893	河北	RRRRSSRS
郑 17138	河南	RRRRSRRS	皖宿 061	安徽	RRRRSRSS	皖宿 031	安徽	RRRRSSRS
郑 17173	河南	RRRRSRRS	郑 15339	河南	RRRRSRSS	徐 0212-42	江苏	RRRRSSRS
郑 17345	河南	RRRRSRRS	周 11121-3-1-2	河南	RRRRSRSS	中作 11-11	北京	RRRRSSRS
中豆 5901	北京	RRRRSRRS	周 2015W4	河南	RRRRSRSS	中作 11-54	北京	RRRRSSRS
中作 10-24	北京	RRRRSRRS	洛豆 1419	河南	RRRRSRSS	中作 11-719	北京	RRRRSSRS
周 11017-18	河南	RRRRSRRS	道秋 16	山东	RRRRSRSS	中作 J161087	北京	RRRRSSRS
周 11019-2-1	河南	RRRRSRRS	泛豆 1301	河南	RRRRSRSS	齐黄 34	山东	RRRRSSRS
周 12102-4	河南	RRRRSRRS	荷豆 40	山东	RRRRSRSS	14B2548	北京	RRRRSSRS
周 13006-4	河南	RRRRSRRS	晋科 3 号	山西	RRRRSRSS	安豆 6271	河南	RRRRSSRS
G15424	山东	RRRRSRRS	柳豆 104	安徽	RRRRSRSS	邯 14-34	河北	RRRRSSRS
邯 16-139	河北	RRRRSRRS	鲁 0126	山东	RRRRSRSS	济 J14165	山东	RRRRSSRS
鲁 0540-4	山东	RRRRSRRS	鲁 0126	山东	RRRRSRSS	鲁 0110-6	山东	RRRRSSRS
鲁 0540-7	山东	RRRRSRRS	鲁 0305-2	山东	RRRRSRSS	洛 1330	河南	RRRRSSRS
安豆 6021	河南	RRRRSRRS	鲁 0315-9	山东	RRRRSRSS	南农 1608	江苏	RRRRSSRS
安豆 6215	河南	RRRRSRRS	商豆 H09	河南	RRRRSRSS	圣豆 4	山东	RRRRSSRS
汾豆 98	山西	RRRRSRRS	石 1064	河北	RRRRSRSS	石 1415	河北	RRRRSSRS
冀 16-J05	河北	RRRRSRRS	石 1108	河北	RRRRSRSS	中作 11-54	北京	RRRRSSRS
柳豆 102	安徽	RRRRSRRS	石 788	河北	RRRRSRSS	中作 J141085	北京	RRRRSSRS
鲁 0540-2	山东	RRRRSRRS	潍科 48	安徽	RRRRSRSS	中作 12-1251	北京	RRRRSSSR
洛 1337	河南	RRRRSRRS	潍科 49	安徽	RRRRSRSS	HN0901	河北	RRRRSSSR
洛 1505	河南	RRRRSRRS	郑 15339	河南	RRRRSRSS	晋遗 57	山西	RRRRSSSR
漯 4904	河南	RRRRSRRS	中作 11-719	北京	RRRRSRSS	柳豆 101	安徽	RRRRSSSR
濮豆 5110	河南	RRRRSRRS	周 11019-2-1	河南	RRRRSRSS	漯 4903	河南	RRRRSSSR
濮豆 793	河南	RRRRSRRS	邯 13-109	河北	RRRRSSRR	沧豆 1312	河北	RRRRSSSS
濮豆 820	河南	RRRRSRRS	邯 15-189	河北	RRRRSSRR	道秋 6 号	山东	RRRRSSSS
商豆 H08	河南	RRRRSRRS	晋黄 12 号	山西	RRRRSSRR	邯 16-189	河北	RRRRSSSS
商豆 H28	河南	RRRRSRRS	16 品 3	山东	RRRRSSRR	华豆 35	山东	RRRRSSSS
圣豆 17	山东	RRRRSRRS	沧豆 1151	河北	RRRRSSRR	华育 1 号	山东	RRRRSSSS
圣豆 34	山东	RRRRSRRS	邯 15-189	河北	RRRRSSRR	晋黄 11 号	山西	RRRRSSSS
圣豆 35	山东	RRRRSRRS	邯 15-685	河北	RRRRSSRR	陕豆 6 号	陕西	RRRRSSSS
石 273	河北	RRRRSRRS	济 J14109	山东	RRRRSSRR	皖豆 919	安徽	RRRRSSSS
潍科 44	安徽	RRRRSRRS	晋遗 59	山西	RRRRSSRR	皖宿 112	安徽	RRRRSSSS
郑 1677	河南	RRRRSRRS	洛 1304	河南	RRRRSSRR	永民 6 号	安徽	RRRRSSSS
周 11005-27-1	河南	RRRRSRRS	石 501	河北	RRRRSSRR	中作 10-43	北京	RRRRSSSS
邯 15-298	河北	RRRRSRSR	郑 16343	河南	RRRRSSRR	16 品 10	山东	RRRRSSSS
洛 1419	河南	RRRRSRSR	中作 11-57	北京	RRRRSSRR	道秋 17	山东	RRRRSSSS
漯 1712	河南	RRRRSRSR	周 12044-19-29	河南	RRRRSSRR	华豆 24	山东	RRRRSSSS
濮豆 561	河南	RRRRSRSR	HN1030	河北	RRRRSSRS	济 J14085	山东	RRRRSSSS
中作 J14283	北京	RRRRSRSR	HN2018	河北	RRRRSSRS	晋科 6 号	山西	RRRRSSSS

续表 3

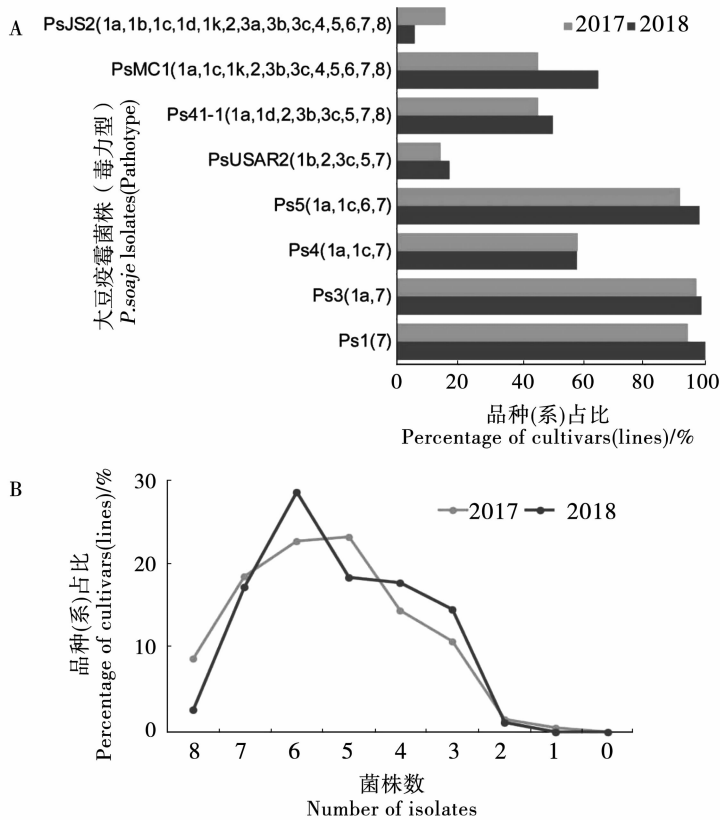
品种(系)	地区	反应型	品种(系)	地区	反应型	品种(系)	地区	反应型
Cultivar/line	Region	Reaction type	Cultivar/line	Region	Reaction type	Cultivar/line	Region	Reaction type
鲁 0110-8	山东	RRRRSSSS	中作 J13319	北京	RRSRSSRR	潍豆 1897	山东	RRSRSSSS
石 153	河北	RRRRSSSS	HN0902	河北	RRSRSSRS	郑 15283	河南	RRSRSSSS
石 768	河北	RRRRSSSS	沧豆 11	河北	RRSRSSRS	郑 16175	河南	RRSRSSSS
石 773	河北	RRRRSSSS	沧豆 1123	河北	RRSRSSRS	中黄 105	北京	RRSRSSSS
延豆 7 号	北京	RRRRSSSS	汾豆 105	山西	RRSRSSRS	中品 1184	北京	RRSRSSSS
周 11121-3-1-2	河南	RRRRSSSS	邯 15-298	河北	RRSRSSRS	中作 11-817	北京	RRSRSSSS
中作 11-817	北京	RRRSSRRR	邯 15-685	河北	RRSRSSRS	中作 J15017	北京	RRSRSSSS
GZ11-295	北京	RRSRRRRR	荷豆 45	山东	RRSRSSRS	中作 J15019	北京	RRSRSSSS
中作 10-732	北京	RRSRRRRR	荷豆 46	山东	RRSRSSRS	J14156	山东	RRSRSSSS
宁黄 135	宁夏	RRSRRRRS	晋黄 10 号	山西	RRSRSSRS	J14187	山东	RRSRSSSS
石 107	河北	RRSRRRRS	科豆 31	北京	RRSRSSRS	G15073	山东	RRSRSSSS
中黄 102	北京	RRSRRRRS	陇中黄 606	甘肃	RRSRSSRS	86573-6 褐	山东	RRSRSSSS
中品 16456	北京	RRSRRRRS	陕豆 7 号	陕西	RRSRSSRS	鲁 0540-6	山东	RRSRSSSS
中作 11-518	北京	RRSRRRRS	石 1179	河北	RRSRSSRS	HN1018	河北	RRSRSSSS
汾豆 98	山西	RRSRRRRS	中黄 106	北京	RRSRSSRS	HN1029-1	河北	RRSRSSSS
荷豆 34	山东	RRSRRRRS	中品 16067	北京	RRSRSSRS	安豆 5240	河南	RRSRSSSS
中作 11-516	北京	RRSRRRRS	中作 11-58	北京	RRSRSSRS	沧豆 0605	河北	RRSRSSSS
泛豆 9 号	河南	RRSRRRSS	中作 J16857	北京	RRSRSSRS	华豆 23	山东	RRSRSSSS
泛豆 G98	河南	RRSRSSRS	中作 J16J270	北京	RRSRSSRS	济 G15073	山东	RRSRSSSS
洛豆 16112	河南	RRSRSSSS	诱处 4 号	北京	RRSRSSRS	冀 16-08	河北	RRSRSSSS
汾豆 99	山西	RRSRSSSS	鲁 LH284	山东	RRSRSSRS	冀 16-09	河北	RRSRSSSS
商豆 1310	河南	RRSRSSRR	圣豆 28	山东	RRSRSSRS	晋黄 10 号	山西	RRSRSSSS
圣育 5 号	山东	RRSRSSRR	郑 1609	河南	RRSRSSRS	陇黄 3 号	甘肃	RRSRSSSS
泛豆 13 号	河南	RRSRSSRR	中作 10-765	北京	RRSRSSRS	圣豆 7	山东	RRSRSSSS
汾豆 104	山西	RRSRSSRS	冀 16-06	河北	RRSRSSSR	潍科 47	安徽	RRSRSSSS
邯 15-324	河北	RRSRSSRS	冀 16-13	河北	RRSRSSSR	延豆 8 号	北京	RRSRSSSS
华豆 36	山东	RRSRSSRS	洛 1408	河南	RRSRSSSR	延豆 9 号	北京	RRSRSSSS
宁黄 29	宁夏	RRSRSSRS	南农 1609	江苏	RRSRSSSR	中黄 321	北京	RRSRSSSS
商豆 1702	河南	RRSRSSRS	皖宿 1015	安徽	RRSRSSSR	中黄 73	北京	RRSRSSSS
圣豆 8	山东	RRSRSSRS	周 09094-3-4	河南	RRSRSSSR	中黄 73	北京	RRSRSSSS
郑 1427	河南	RRSRSSRS	HN0901	河北	RRSRSSSS	中作 10-43	北京	RRSRSSSS
中作 J14558	北京	RRSRSSRS	道秋 30	山东	RRSRSSSS	中作 11-58	北京	RRSRSSSS
鲁 0305-1	山东	RRSRSSRS	泛豆 13	河南	RRSRSSSS	周 11005-10-4-6	河南	RRSSSRRS
中黄 78	北京	RRSRSSRS	泛豆 15	河南	RRSRSSSS	中作 11-11	北京	RRSSSSRS
泛豆 14	河南	RRSRSSRS	邯豆 16	河北	RRSRSSSS	冀豆 17	河北	RRSSSSSS
汾豆 103	山西	RRSRSSRS	冀 1701	河北	RRSRSSSS	沧豆 09Y1	河北	RSSRSRRS
济 J14110	山东	RRSRSSRS	冀 1707	河北	RRSRSSSS	邯 15-296	河北	RSSRSRRS
晋遗 53	山西	RRSRSSRS	晋黄 9 号	山西	RRSRSSSS	中黄 13	北京	RSSRSSSS
商豆 1701	河南	RRSRSSRS	漯豆 74454	河南	RRSRSSSS	86573-6 黑	山东	RSSSSSSR
石 1179	河北	RRSRSSRS	南农 1609	江苏	RRSRSSSS	郑 16175	河南	SRSRSRRS
冀 16-12	河北	RRSRSSRR	石 387	河北	RRSRSSSS	皖豆 0954	安徽	SRSRSSSS
洛 1407	河南	RRSRSSRR	皖宿 132	安徽	RRSRSSSS	中作 10-24	北京	SRSRSSSS
潍豆 12	安徽	RRSRSSRR	皖宿 1329	安徽	RRSRSSSS	济 G15172	山东	SSSSRSSS

2.4 两年之间的抗性鉴定结果比较分析

分别对 2017 年收集到的 195 个大豆品种(系)、2018 年的 186 个品种(系)进行抗性鉴定,2017 和 2018 年,对 8 个大豆疫霉菌株具有抗性的大豆种质比例基本相近(皮尔森相关系数为 0.98,即高度正相关)。与 2017 年相比,2018 年的供试大豆种质对大豆疫霉菌株 Ps1、Ps3、Ps5、PsUSAR2、Ps41-1 和 PsMC1 的抗病比例均上升,尤其是对强毒力菌株 PsMC1 的抗病比例提高了 19.3%,但对另一个强毒力菌株 PsJS2 的抗病比例下降了 10.0%(图

4A)。2017 年筛选到的能够抗 5 个菌株的大豆品种(系)数量最多,占 22.6%,有 8.7% 的种质能够对所有 8 个菌株抗病。2018 年筛选到的能够抗 6 个菌株的大豆种质数量最多,占 28.5%,有 2.7% 的种质对所有的 8 个菌株均产生抗性(图 4B)。

对所有大豆种质进行抗病基因推导后,发现 2018 年的 186 个大豆种质中分别有 22.6% 和 13.4% 含有抗病基因 *Rps1b* 和 *Rps3a*,而 2017 年的 195 个大豆种质中分别仅有 10.8% 和 5.6% 含有抗病基因 *Rps1b* 和 *Rps3a*(表 2)。



A: 两年间大豆种质抗性对比;B: 对不同数量菌株存在抗性(抗病型和中间型)的大豆品种(系)占比。
A: Comparison of soybean germplasm between two years on resistance level; B: The percentage of resistance soybean cultivars (resistance and intermediate resistance) on different number of *P. sojae* isolates.

图4 抗性鉴定结果比较分析

Fig. 4 Comparison results of the resistance evaluation

3 讨论

中国拥有丰富的大豆疫霉根腐病抗性资源,但不同大豆种质的抗病性仍有待系统性鉴定。为了快速开展大规模抗性鉴定,本研究采用改进的黄化苗下胚轴接种方法。Dorrance 等^[6]采用菌丝块匀浆物接种黄化苗下胚轴,并采用吸水纸保湿,而 Dong 等^[25]采用菌丝块接种黄化苗下胚轴的方法,在托盘中接种后用吸水纸覆盖保湿。本研究对其接种方法进行改进,采用菌丝块接种方法,对每一棵黄化

苗利用吸水纸进行单独包裹保湿,确保菌丝块紧贴下胚轴;多棵黄化苗再用锡箔纸包裹,为大豆疫霉菌提供黑暗的生长环境。2018 年的大豆品种(系)与 2017 年的大豆品种(系)中有 45 个品种(系)相同,2018 年对这 45 个品种(系)再次抗性鉴定后,发现 86.7% 的鉴定结果与 2017 年的结果相同,表明该方法适用于对大豆种质的抗性鉴定。改进过的接种方法极大的节省了空间和时间,适用于抗病资源的大量筛选工作。

Huang 等^[28]首次对我国大豆种质微核心库 224

个种质进行了抗性鉴定,发现中国南部及黄淮海地区,尤其是湖北、江苏、四川和福建的大豆种质最具抗病多样性和广谱性。根据抗病基因推导结果发现 *Rps1b*、*Rps1c*、*Rps4*、*Rps7* 以及新的抗病基因存在。本研究通过黄化苗下胚轴接种方法对黄淮海地区的大豆种质资源进行室内快速鉴定,发现河南、河北、北京、安徽、山东、山西等地均含有丰富的大豆抗病种质资源,且具有丰富的抗性多样性。其中,河南、山东等地含有丰富的含有抗病基因 *Rps1b* 的抗性资源,河北、北京等地含有丰富的含有抗病基因 *Rps3a* 的大豆抗病资源,为抗病基因的进一步鉴定及抗病品种的使用提供丰富的抗性资源。

近年来,国内已逐渐形成一套用于抗性鉴定的大豆疫霉菌鉴别体系。本研究所用的 8 个疫霉菌株中,PsMC1 分离自安徽蒙城,PsJS2 是从江苏地区分离到的,381 个品种(系)对这 2 个菌株的抗性频率分别为 55.1% 和 11.0%,而 14 个鉴别品种对 PsJS2 均感病,11.0% 的大豆品种能够高抗 PsJS2,表明这些品种可能含有新的抗病基因。本研究中 Ps1、Ps3 和 Ps5 等是分离自东北地区的大豆疫霉菌株,各地区大豆品种对这几个菌株的抗性比例均高达 90.0%。利用这 8 个大豆疫霉菌株对我国黄淮海地区的大豆种质资源进行抗性鉴定,能够鉴定含有 *Rps1a*、*Rps1b*、*Rps1c*、*Rps1d*、*Rps3a* 和 *Rps6* 等单个抗病基因的大豆品种,但是不能准确区分 *Rps2*、*Rps3c* 和 *Rps5* 等抗病基因,同样由于鉴别寄主 *Rps1k* 和 *Rps4* 对 8 个菌株的反应型均为 RRRRRRSS,鉴别寄主 *Rps3b* 和 *Rps8* 对 8 个菌株的反应型均为 RRRRRSSS,导致以上抗病基因不能区分。

Tang 等^[29]对来自我国 8 个省(市)的 115 个大豆疫霉菌进行毒性组成分析,发现含有抗病基因 *Rps1a*、*Rps1c* 和 *Rps1k* 的鉴别寄主分别可以抵抗 90% 以上的大豆疫霉菌的侵染,表明在我国种植含有 *Rps1a*、*Rps1c* 和 *Rps1k* 的大豆品种将会有效地防治大豆疫霉根腐病的发生。崔林开^[30]对我国大豆疫霉群体的采集以及致病型测定同样发现,大部分地区的大豆疫霉菌在 *Rps1a*、*Rps1c* 和 *Rps1k* 鉴别寄主上的毒性频率较低,可以用于防治大豆疫病。但是在本研究中,对黄淮海地区 381 个大豆品种(系)进行反应型分析及抗病基因的推导,并没有发现含有 *Rps1a*、*Rps1c*、*Rps1k* 等抗病基因的大豆,表明在黄淮海地区,对这 3 个抗病基因的利用并不广泛,而该结果与唐庆华等^[31]的研究结果相似。

根据不同地区疫霉菌株的群体毒力类型有针对性选育和部署抗病品种是防控大豆疫病的最为有效的措施。根据抗性鉴定研究结果及抗病基因的推导,筛选优质抗病资源,对于抗病品种的使用具有重要意义。通过选择合适的亲本,可选育出

含有目的抗病基因以及含有多个抗病基因组合且综合性状优良的大豆新品种,为大豆抗病资源的利用提供指导。

4 结 论

本研究采用一套改进的黄化苗下胚轴接种方法,利用 8 个大豆疫霉根腐病菌株对 2017 和 2018 年从黄淮海地区各育种单位收集的 381 个大豆品种(系)进行抗性鉴定。超过 90% 的品种(系)对弱毒力菌株 Ps1、Ps3 和 Ps5 均表现抗性,5.8% 的品种(系)对超强毒力菌株 PsJS2 表现抗性。所有大豆品种(系)对 8 个菌株共产生 36 种反应型,其中有 63 个品种(系)推导含有抗病基因 *Rps1b*,36 个含有抗病基因 *Rps3a*,15 个含有 *Rps1d*。255 个品种(系)的 32 种反应型与任何已知鉴别寄主的反应型均不一致,表明可能含有新的抗病基因或抗病基因的组合。本研究发现河南、河北、北京、安徽、山东、山西等地均含有丰富的抗病种质资源,且具有丰富的抗性多样性。其中,河南、山东等地含有丰富的抗病基因 *Rps1b* 的抗性资源,河北、北京等地含有丰富的含有抗病基因 *Rps3a* 的抗病资源。

致谢:感谢中国农业科学院作物科学研究所朱振东研究员提供的大豆疫霉菌株和孙石研究员提供的大豆品种(系);感谢南京农业大学农学院邢邯教授提供的大豆鉴别寄主;感谢黑龙江省农科院佳木斯分院丁俊杰老师提供的大豆品种合丰 47。在此表示衷心感谢!

参考文献

[1] Sugimoto T, Kato M, Yoshida S, et al. Pathogenic diversity of *Phytophthora sojae* and breeding strategies to develop *Phytophthora*-resistant soybeans [J]. *Breeding Science*, 2012, 61 (5): 511-522.

[2] Tyler B M. *Phytophthora sojae*: Root rot pathogen of soybean and model oomycete[J]. *Molecular Plant Pathology*, 2007, 8 (1): 1-8.

[3] Doupnik B. Soybean production and disease estimates 1989 to 1991[J]. *Plant Disease*, 1993, 77(11):1170-1172.

[4] 蔡莹莹, 宫千淳, 屈晓泽. 大豆疫霉根腐病的综合防治措施 [J]. *生物化工*, 2017, 3(3):62-63. (Cai Y Y, Gong Q C, Qu X Z. Comprehensive control measures of *Phytophthora* root rot of soybean[J]. *Biological Chemical Engineering*, 2017, 3 (3): 62-63.)

[5] Schmitthenner A F. Problems and progress in control of *Phytophthora* root rot of soybean [J]. *Plant Disease*, 1985, 69 (4): 362-368.

[6] Dorrance A E, Jia H, Abney T S. Evaluation of soybean differentials for their interaction with *Phytophthora sojae* [J/OL]. *Plant Health Progress* [2004-03-09]. Doi: 10. 1094/PHP2004-0309-1001-RS.

[7] Sandhu D, Schalllock K G, Rivera-Velez N, et al. Soybean *Phyto-*

- phthor resistance gene *Rps8* maps closely to the *Rps3* region[J]. Journal of Heredity, 2005, 96(5):536-541.
- [8] Wu X L, Zhang B Q, Sun S, 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.
- [9] Zhang J Q, Xia C J, Duan C X, et al. Identification and candidate gene analysis of a novel *Phytophthora* resistance gene *Rps10* in a Chinese soybean cultivar [J]. PLoS One, 2013, 8(7):e69799.
- [10] Ping J Q, Fitzgerald J C, Zhang C B, et al. Identification and molecular mapping of *Rps11*, a novel gene conferring resistance to *Phytophthora soja* in soybean[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2016, 129(2):445-451.
- [11] Sahoo D K, Abeysekara N S, Cianzio S R, et al. A novel *Phytophthora sojae* resistance *Rps12* gene mapped to a genomic region that contains several *Rps* genes [J]. PLoS One, 2017, 12(1):e0169950.
- [12] 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.)
- [13] Sun S, Wu X L, Zhao J M, et al. Characterization and mapping of *RpsYu25*, a novel resistance gene to *Phytophthora sojae*[J]. Plant Breeding, 2011, 130(2):139-143.
- [14] Zhang J Q, Sun S L, Wang G Q, et al. Characterization of *Phytophthora* resistance in soybean cultivars/lines bred in Henan province[J]. Euphytica, 2014, 196(3):375-384.
- [15] Li L, Lin F, Wang W, et al. Fine mapping and candidate gene analysis of two loci conferring resistance to *Phytophthora sojae* in soybean[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2016, 129(12):2379-2386.
- [16] Sun J T, Li L H, Zhao J M, et al. Genetic analysis and fine mapping of *RpsJS*, a novel resistance gene to *Phytophthora sojae* in soybean [*Glycine max* (L.) Merr][J]. Theoretical and Applied Genetics, 2014, 127(4):913-919.
- [17] 于安亮, 徐鹏飞, 王金生, 等. 大豆品种绥农 10 抗疫霉根腐病遗传分析及抗病基因的 SSR 标记[J]. 中国油料作物学报, 2010, 32(4):462-466. (Yu A L, Xu P F, Wang J S, et al. Genetic analysis and SSR mapping of gene resistance[J]. Chinese Journal of Oil Crop Sciences, 2010, 32(4):462-466.)
- [18] Zhu Z D, Huo Y L, Wang X M, et al. Molecular identification of a novel *Phytophthora* resistance gene in soybean[J]. Acta Agronomica Sinica, 2007, 33(1):154-157.
- [19] Zhong C, Sun S, Yao L, et al. Fine mapping and identification of a novel *Phytophthora* root rot resistance locus *RpsZS18* on chromosome 2 in soybean[J]. Frontiers in Plant Science, 2018, 9(44):1-14.
- [20] Gao H Y, Narayanan N N, Ellison L, et al. Two classes of highly similar coiled coil-nucleotide binding-leucine rich repeat genes isolated from the *Rps1-k* locus encode *Phytophthora* resistance in soybean [J]. Molecular Plant-Microbe Interactions, 2005, 18(10):1035-1045.
- [21] Lohnes D G, Nickell C D, Schmitthenner A F. Origin of soybean alleles for *Phytophthora* resistance in China[J]. Crop Science, 1996, 36:1689-1692.
- [22] 朱振东, 霍云龙, 王晓鸣, 等. 大豆疫霉根腐病抗源筛选[J]. 植物遗传资源学报, 2006, 7(1):24-30. (Zhu Z D, Huo Y L, Wang X M, et al. Screening for resistance sources to *Phytophthora* root rot in soybean [J]. Journal of Plant Genetic Resources. 2006, 7(1):24-30.)
- [23] 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.)
- [24] Dorrance A E, Kurlle J, Robertson A E, et al. Pathotype diversity of *Phytophthora sojae* in eleven states in the United States[J]. Plant Disease, 2016, 100(7):1429-1437.
- [25] Dong S, Qutob D, Tedman-Jones J, et al. The *Phytophthora sojae* avirulence locus *Avr3c* encodes a multi-copy RXLR effector with sequence polymorphisms among pathogen strains[J]. PLoS One, 2009, 4(5):e5556.
- [26] Kyle D E, Nickell C D, Nelson R L, et al. Response of soybean accessions from provinces in southern China to *Phytophthora sojae* [J]. Plant Disease, 1998, 82:555-559.
- [27] 陈晓玲, 朱振东, 王晓鸣, 等. 大豆品种(系)抗疫霉根腐病基因推导[J]. 中国农业科学, 2008, 41(4):1227-1234. (Chen X L, Zhu Z D, Wang X M, et al. Postulation of *Phytophthora* resistance genes in soybean cultivars or lines[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2008, 41(4):1227-1234.)
- [28] Huang J, Guo N, Li Y H, et al. Phenotypic evaluation and genetic dissection of resistance to *Phytophthora sojae* in the Chinese soybean mini core collection[J]. BMC Genet, 2016, 17:85.
- [29] Tang Q, Cui L, Li D, et al. Resistance evaluation of soybean germplasm from Huanghuai region to *Phytophthora* root rot [J]. Agricultural Sciences in China, 2011, 10(2):246-251.
- [30] 崔林开. 中国大豆疫霉菌毒性组成、遗传结构及其无毒基因多态性的研究[D]. 南京:南京农业大学, 2010:36-43. (Cui L K. Study on virulence composition, genetic structure and polymorphism of *Avr* genes in *Phytophthora sojae* in China[D]. Nanjing: Nanjing Agricultural University, 2010:36-43.
- [31] 唐庆华, 崔林开, 李德龙, 等. 黄淮地区大豆种质资源对疫霉根腐病的抗病性评价[J]. 中国农业科学, 2010, 43(11):2246-2252. (Tang Q H, Cui L K, Li D L, et al. Resistance evaluation of soybean germplasm from Huanghuai Valley to *Phytophthora* root rot[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2010, 43(11):2246-2252.)