

黄淮地区大豆种质对疫霉根腐病的抗性分析

孙石¹, 赵晋铭¹, 武晓玲¹, 郭娜¹, 王源超², 盖钧镒¹, 邢邯¹

(¹南京农业大学大豆研究所, 国家大豆改良中心, 作物遗传与种质创新国家重点实验室; ²南京农业大学农业部病虫害监测与治理重点开放实验室, 江苏南京 210095)

摘要:由大豆疫霉菌引起的大豆疫霉根腐病是严重影响大豆生产的毁灭性病害之一, 防治该病唯一经济、有效和环境安全的方法是利用抗病品种。利用7个具有不同毒力公式的大豆疫霉菌株, 对黄淮夏大豆产区的96个大豆品种(系)进行接种鉴定, 96个大豆品种(系)对7个大豆疫霉菌株共产生38种反应型, 有4种反应型分别与单个抗病基因的反应型一致, 有10种反应型与2个已知基因组合的反应型相同, 有5种反应型与3个已知基因组合的反应型相同, 其它反应型为新的类型。根据“基因对基因”学说, 抗病基因的推导结果有7个品种可能含有 *Rps3a*, 有4个品种可能含有 *Rps3b*, 有1个品种可能含有 *Rps3c*, 有5个品种可能含有 *Rps7*, 有一些品种可能含有国际上尚未命名的新的抗病基因。聚类分析结果表明, 在以相似系数0.691聚类, 96个大豆品种可以分成8类。研究结果为大豆抗病育种选择亲本和利用品种布局进行大豆疫霉根腐病生态控制提供了依据。

关键词:大豆; 大豆疫霉根腐病; 大豆疫霉菌; *Rps* 基因

中图分类号: S565.1 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-9841(2008)03-0465-06

Resistance of Soybean Germplasm to *Phytophthora* in Huanhuai Valley

SUN Shi¹, ZHAO Jin-ming¹, WU Xiao-ling¹, GUO Na¹, WANG Yuan-chao², GAI Jun-yi¹, XING Han¹

(¹Soybean Research Institute of Nanjing Agricultural University, National Center for Soybean Improvement, National Key Laboratory for Crop Genetics and Germplasm Enhancement; ²Key Laboratory of Monitoring and Management of Plant Diseases and Insects, Ministry of Agriculture, Nanjing Agricultural University, Nanjing 210095, Jiangsu, China)

Abstract: *Phytophthora* root rot caused by *Phytophthora sojae* is a destructive disease for soybeans [*Glycine max* (L.) Merr.] throughout the soybean production regions of world. Utilization of resistant varieties is the most economical and environmentally safe method for controlling disease. Ninety-six soybean cultivars or lines from Huanhuai valley were evaluated for their responses to 7 strains of *P. sojae* using the hypocotyls inoculation technique. The objectives of this study were to investigate the distribution and diversity of *Phytophthora*-resistant soybean and identify sources that confer resistance to multiple strains for implementation into breeding programs. Ninety-six cultivars or lines elicited 38 different reaction types with the 7 strains of the pathogen. Among them, four reaction types accorded to that of single gene, ten reaction types were consistent with two gene combinations, five reaction types were consistent with three gene combinations and the others were new reaction types. The number of cultivars, which probably carried gene *Rps3a*, *Rps3b*, *Rps3c*, *Rps7*, was 7, 4, 1, and 5, respectively. Some cultivars or lines possibly carry new *Rps* genes that are effective to control *Phytophthora* root rot of soybean in China. These accessions may provide sources of resistance for control of *Phytophthora* root rot in the future. Cluster analysis produced 8 groups at 0.691. The results are useful in grouping genetically related cultivars for soybean breeding to *P. sojae* control and to select parental germplasm with differential resistant gene.

Key words: Soybean; *Phytophthora* root rot; *P. sojae*; *Rps* gene

由专性寄生真菌大豆疫霉引起的大豆疫霉根腐病是大豆的主要病害之一, 能在大豆的任何生育期进行侵染并造成受害^[1-2]。种植抗病品种是控制大

豆疫霉根腐病最经济、有效的措施, 既避免了污染环境, 又可以降低成本和人力投入^[3]。迄今在4条大豆连锁群的8个位点上已鉴定14个抗病基因^[4-7]。

收稿日期: 2008-04-15

基金项目: 农业部行业专项资助项目(nyhyzx07-053); “长江学者和创新团队发展计划”创新团队资助项目(PCSIRT)。

作者简介: 孙石(1973-), 男, 博士研究生, 研究方向为大豆遗传与分子育种。E-mail: sunshi73@163.com。

通讯作者: 邢邯, 教授, 博士生导师。E-mail: hanx@njau.edu.cn。

然而,大豆疫霉菌变异迅速、复杂,常使抗病品种在推广 8~10 年后就会“丧失”原有的抗性^[1,8]。因此,迫切需要拓宽新的抗源。

我国是大豆的起源地,具有丰富的抗性资源,常规鉴定抗病基因的方法有遗传分析法和基因推导法,基因推导法是在“基因对基因”的基础上提出的根据侵染型推导基因型的方法,在小麦三种锈病和白粉病等抗病育种中的应用十分广泛^[9-11]。大豆对大豆疫霉根腐病的抗性通常以质量抗性为主,符合“基因对基因”假说^[12],即表现为品种的某一抗性基因与大豆疫霉菌相对应的某一无毒基因之间的专化性互作。因此研究利用 7 个具有不同毒力公式的大豆疫霉菌株,对黄淮夏大豆主产区的 96 个大豆品种(系)进行了接种鉴定,分析大豆品种(系)的所含抗病基因类型,并发掘新的抗病基因,旨在为大豆疫霉根腐病的防治和抗病品种的选育奠定基础。

1 材料与方法

1.1 试验材料

1.1.1 供试材料 供试的 96 个大豆品种(系)分别来自黄淮夏大豆主产区的 7 个省市(表 1),由国家大豆改良中心提供。

1.1.2 鉴别寄主 14 个鉴别寄主由南京农业大学国家大豆改良中心提供。

1.1.3 供试菌株 在已有资料和预备实验的基础上,共采用 7 个来自国内外的毒力公式不同的大豆疫霉菌株,供试菌株由南京农业大学农业部病虫害监测与治理重点开放实验室提供。

1.2 鉴定方法

1.2.1 培养基制备 利马豆培养基(LBA)制备参照郑小波的方法^[13]。

1.2.2 大豆植株的培养 将成套的鉴别寄主和待测品种(系)分别编号登记,每个品种(系)分别挑选 12~13 粒种子播种于以灭菌蛭石为基质的直径 10 cm 塑料杯中。出苗前培养温度 25~29℃,出苗后温度控制在 18~25℃。大豆植株的第一对真叶展开时(大约出土 10 d 后),每份材料留生长一致的幼苗 10 株,准备接种。

1.2.3 接种 采用下胚轴伤口接种法接种。用消毒后的刀片在大豆子叶节下约 1 cm 处划一斜口,在培养 8 d 的菌株菌落外缘割取带有菌丝体的培养基(边长为 3 mm 的方块)嵌入伤口中,接种后保湿 48 h,然后转入相同温度的温室培养。

1.2.4 病情调查及抗性评价 接种 5 d 后进行病情调查。感病植株接种后很快发生整株性萎蔫并从接种部位折断、死亡。抗病植株接种后无变化或接种部位局部变褐,植株继续生长。一个品种(系)如果有 70% 或以上的植株死亡则为感病(susceptible, S),如有 70% 或以上植株正常生长则为抗病(resistant, R),死亡植株在 31%~69% 的归为中间类型(intermediate, I),试验重复 3 次。

1.2.5 抗病基因推导 利用 7 个疫霉菌株接种鉴定 96 个大豆品种(系)和 14 个鉴别寄主,结果得到抗病、感病和中间类型,将中间类型归为抗病反应型^[14]。列出鉴别寄主和待测材料的抗谱,并对其进行分析,如果待测材料与某个含已知抗病基因鉴别寄主的抗谱相同,则认为在现有选用的大豆疫霉菌株条件下供试材料与该鉴别寄主所含的基因可能相同;复合抗病基因的分析是通过比较待测材料的抗谱与 2 个或 2 个以上的鉴别寄主的合成抗谱的相似程度。如果待测品种(系)的反应模式完全不同于 13 个已知抗病基因或抗病基因组合的反应模式,则判定在现有选用的大豆疫霉菌株条件下该品种(系)可能含有未知抗病基因,从而推测出各个大豆品种(系)所含抗病基因情况。

1.3 聚类分析

根据供试品种对 7 个菌株的抗感反应,利用 NTSYSpc Version 2.02 中的 UPGMA(Unweight pair-group method with arithmetic averages)程序进行聚类分析,构建遗传系统树型图。

2 结果与分析

2.1 抗病基因的鉴定

所选用的 7 个大豆疫霉菌株具有不同的毒性基因或毒性基因组合(表 2)。用 7 个大豆疫霉菌株接种 14 个鉴别寄主和 96 个供试品种(系)。

96 个大豆品种(系)对 7 个不同的菌株的抗性频率不同(图 1),对大豆疫霉菌株 Pm14 的抗性频率最高,达到 66.7%,最低的为 PNJ1 的 21.9%;对于同一个大豆品种,不同菌株对其毒力频率也存在着差异,最高的为 100%,最低的为 0。即便是毒力频率较高的品种,它们对不同的大豆疫霉菌株表现出不同的抗性,例如,稻熟黄、沛县大白角、泗豆 11、合豆 3 号和诱变 31 对这 7 个菌株的毒力频率同为 71.4%,但它们的抗谱不同,这说明它们有可能具有不同的抗性基因。以上结果显示黄淮地区蕴藏着

表1 供试大豆品种或品系
Table 1 The soybean cultivars(lines) used in this study

编号 No.	品种(系) Cultivar (Line)	来源 Origin	编号 No.	品种(系) Cultivar (Line)	来源 Origin	编号 No.	品种(系) Cultivar (Line)	来源 Origin
1	滨海大白花 Binhaidabaihua	江苏 Jiangsu	33	皖豆6号 Wandou 6	安徽 Anhui	65	郑长叶 18 Zhengchangye 18	河南 Henan
2	楚秀 Chuxiu	江苏 Jiangsu	34	皖豆3号 Wandou 3	安徽 Anhui	66	地神 22 Dishen 22	河南 Henan
3	稻熟黄 Daoshuhuang	江苏 Jiangsu	35	科丰 36 Kefeng 36	北京 Beijing	67	豫豆 12 Yudou 12	河南 Henan
4	东海平顶红 Donghaipingdinghong	江苏 Jiangsu	36	科丰 37 Kefeng 37	北京 Beijing	68	周豆 11 Zhoudou 11	河南 Henan
5	东辛 2号 Dongxin 2	江苏 Jiangsu	37	科丰 35 Kefeng 35	北京 Beijing	69	郑 92116 Zheng 92116	河南 Henan
6	灌豆 1号 Guandou 1	江苏 Jiangsu	38	科丰 53 Kefeng 53	北京 Beijing	70	郑州 135 Zheng 135	河南 Henan
7	灌云大四粒 Guanyundasil	江苏 Jiangsu	39	诱变 31 Youbian 31	北京 Beijing	71	滑豆 20 Huadou 20	河南 Henan
8	海白花 Haibaihua	江苏 Jiangsu	40	潍豆 6号 Weidou 6	山东 Shandong	72	豫豆 16 Yudou 16	河南 Henan
9	淮豆 5号 Huaidou 5	江苏 Jiangsu	41	莒选 23 Lixuan 23	山东 Shandong	73	豫豆 26 Yudou 26	河南 Henan
10	淮豆 6号 Huaidou 6	江苏 Jiangsu	42	冀豆 4号 Jidou 4	河北 Hebei	74	冀豆 5号 Jidou 5	河北 Hebei
11	沛县大白角 Peixian dabaijiao	江苏 Jiangsu	43	丰收黄 Fengshouhuang	山东 Shandong	75	中黄 14 Zhonghuang 14	北京 Beijing
12	邳县软条枝 Pixianruantiaozhi	江苏 Jiangsu	44	即墨油豆 Jimoyoudou	山东 Shandong	76	中黄 16 Zhonghuang 16	北京 Beijing
13	泗豆 11 Sidou 11	江苏 Jiangsu	45	历城小粒青 Lichengxiaoliqing	山东 Shandong	77	中黄 18 Zhonghuang 18	北京 Beijing
14	铜山天鹅蛋 Tongshantianedan	江苏 Jiangsu	46	临豆 3号 Lindou 3	山东 Shandong	78	中黄 20 Zhonghuang 20	北京 Beijing
15	徐豆 10号 Xudou 10	江苏 Jiangsu	47	六十日金黄 Liushirijinhuang	山东 Shandong	79	中黄 22 Zhonghuang 22	北京 Beijing
16	徐豆 11号 Xudou 11	江苏 Jiangsu	48	鲁豆 12 Ludou 12	山东 Shandong	80	中豆 28 Zhonghuang 28	北京 Beijing
17	徐豆 12号 Xudou 12	江苏 Jiangsu	49	鲁豆 2号 Ludou 2	山东 Shandong	81	阜豆 3号 Fudou 3	安徽 Anhui
18	徐豆 1号 Xudou 1	江苏 Jiangsu	50	秦豆 8号 Qindou 8	陕西 Shanxi	82	中黄 15 Zhonghuang 15	北京 Beijing
19	阜豆 1号 Fudou 1	安徽 Anhui	51	齐黄 11号 Qihuang 11	山东 Shandong	83	豫豆 7号 Yudou 7	河南 Henan
20	合豆 2号 Hedou 2	安徽 Anhui	52	齐黄 1号 Qihuang 1	山东 Shandong	84	豫豆 10号 Yudou 10	河南 Henan
21	合豆 3号 Hedou 3	安徽 Anhui	53	齐黄 22 Qihuang 22	山东 Shandong	85	豫豆 17号 Yudou 17	河南 Henan
22	蒙庆 6号 Mengqing 6	安徽 Anhui	54	早熟 18 Zaoshu 18	北京 Beijing	86	郑长叶 7号 Zhengchangye 7	河南 Henan
23	青阳早黄豆 Qingyangzaohuangdou	安徽 Anhui	55	沧豆 4号 Cangdou 4	河北 Hebei	87	齐黄 29 Qihuang 29	山东 Shandong
24	宿县 647 Suxian 647	安徽 Anhui	56	承豆 7号 Chengdou 7	河北 Hebei	88	文丰 7号 Wenfeng 7	山东 Shandong
25	五河大白壳 Wuhedabaik	安徽 Anhui	57	山宁 11 Shanning 11	山东 Shandong	89	烟豆 4号 Yandou 4	山东 Shandong
26	皖豆 4号 Wandou 4	安徽 Anhui	58	中黄 25 Zhonghuang 25	北京 Beijing	90	跃进 10号 Yuejin 10	山东 Shandong
27	皖豆 21 Wandou 21	安徽 Anhui	59	邯豆 4号 Handou 4	河北 Hebei	91	大白麻 Dabaima	山东 Shandong
28	皖豆 9号 Wandou 9	安徽 Anhui	60	豫豆 14号 Yudou 14	河南 Henan	92	汾豆 41 Fendou 41	山西 Shanxi
29	皖豆 24 Wandou 24	安徽 Anhui	61	周豆 5号 Zhoudou 5	河南 Henan	93	晋豆 14 Jindou 14	山西 Shanxi
30	皖豆 19 Wandou 19	安徽 Anhui	62	沁阳水白豆 Miyangshuibaidou	河南 Henan	94	晋豆 26 Jindou 26	山西 Shanxi
31	皖豆 1号 Wandou 1	安徽 Anhui	63	周豆 12 Zhoudou 12	河南 Henan	95	晋豆 25号 Jindou 25	山西 Shanxi
32	皖豆 13 Wandou 13	安徽 Anhui	64	商豆 6号 Shangdou 6	河南 Henan	96	豫豆 25号 Yudou 25	河南 Henan

丰富的大豆抗病资源。

96 个大豆品种(系)对 7 个大豆疫霉菌株共产生 38 种反应型,比较供试材料与鉴别寄主的抗谱,依据基因推导的原理,黄淮地区的 96 份大豆品种(系)的抗病基因推导结果表明,含 *Rps3a* 反

应模式的品种有 7 个,占 7.3%,含 *Rps3b* 反应模式的品种有 4 个,占 4.2%,含 *Rps3c* 反应模式的品种有 1 个,占 1.0%,含 *Rps7* 反应模式的品种有 5 个,占 5.2%。基因型未明确的品种有 17 个,占 17.7%。

表2 7 个大豆疫霉菌株的毒力型
Table 2 Virulence types of 7 strains of *Phytophthora sojae*

品种 Cultivar	Rps	大豆疫霉菌株 <i>P. sojae</i>						
		PNJ1	PNJ3	PNJ4	Pm2	Pm14	H15	Pm28
Williams	0	S	S	S	S	S	S	S
Harlon	1a	R	S	S	R	S	R	S
Harosoy13X X	1b	R	S	S	S	R	R	S
Williams79	1c	R	S	S	R	R	R	S
PI103091	1d	S	S	S	S	S	R	S
Williams82	1k	R	S	S	R	R	S	S
L76 - 1988	2	S	S	S	S	S	R	S
L83 - 570	3a	R	R	R	S	R	R	R
PRX146 - 36	3b	S	S	S	S	R	S	S
PRX145 - 48	3c	S	S	S	R	R	S	S
L85 - 2352	4	S	R	S	S	R	R	R
L85 - 3059	5	R	S	R	S	R	S	S
Harosoy62XX	6	S	R	S	S	R	S	S
Harosoy	7	S	S	R	S	R	S	S
毒力公式 Virulence formula		1d,2,3b,3c, 4,6,7	1a, 1b, 1c, 1d,1k,2,3b, 3c,5,7	1a, 1b, 1c, 1d,1k,2,3b, 3c,4,6	1b,1d,2,3a, 3b,4,5,6,7	1a,1d,2	1k,3b,3c,5, 6,7	1a, 1b, 1c, 1d, 1k,2,3b, 3c,5,6,7

Rps:resistance gene for *phytophthora* root rot;R: Resistant; S: Susceptible

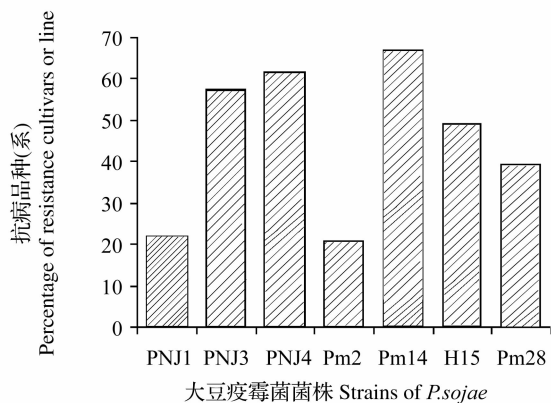


图1 抗不同大豆疫霉菌菌的品种数量

Fig. 1 Percentage of accession with resistance to different strains of *P. sojae*

2.2 抗病基因资源的分布

在所鉴定的材料中,江苏和河南所含抗病基因最丰富,其次为安徽和北京,山东再次之。江苏选择 18 个品种,含有 13 种不同抗病基因反应型,占 37 种反应模式的 35.1%,安徽选择 17 个品种,含有 12 种不同反应模式,占 32.4%,北京选择 14 个品种,含有 12 种不同反应模式,占 32.4%,山东选择 18 个品种,含有 11 种不同反应模式,占 29.7%,河南选择 19 个品种,含有 13 种不同反应模式,占 35.1%,山西选择 4 个品种,含有 3 种不同反应模式,占 3.5%,河北选择选择 5 个品种,含有 5 种不

同反应模式,占 13.4%,陕西选择 1 个品种,含有 1 种反应模式,占 2.7%。

2.3 抗性聚类分析

96 份大豆资源对大豆疫霉根腐病的抗性系统聚类结果如图 2。根据各材料对大豆疫霉根腐病抗性反应的表型相似程度,在相似系数为 0.691,可将供试材料分成 8 类。其中第一类的 27 品种对 7 个菌株的毒力频率较高,为 71.4%~100.0%,海白花等 12 个大豆品种对 7 个大豆疫霉菌株完全感病;第二类含有 5 个品种,毒力频率也较高,为 51.7%~85.7%;第三类只有烟豆 4 号 1 个品种,它对 7 个大豆疫霉菌株的反应模式为 RSSSSSR;第六类包含 14 个品种,毒力频率为 0~28.4%,此类中皖豆 4 号、科丰 36、晋豆 25 号、郑 92116 和豫豆 25 号等 5 个大豆品种(系)对全部 7 个大豆疫霉菌株表现抗性,合豆 2 号、鲁豆 12、齐黄 1 号、早熟 18、沧豆 4 号、豫豆 12 和滑豆 20 对 7 个大豆疫霉菌株的反应模式为 RRRSRRR。

3 讨论

3.1 抗性基因的推导

利用抗病品种是防治大豆疫霉根腐病最经济、安全、有效的方法。因此在抗病育种中抗源筛选和抗病基因鉴定显得尤为重要,传统的抗病基因鉴定

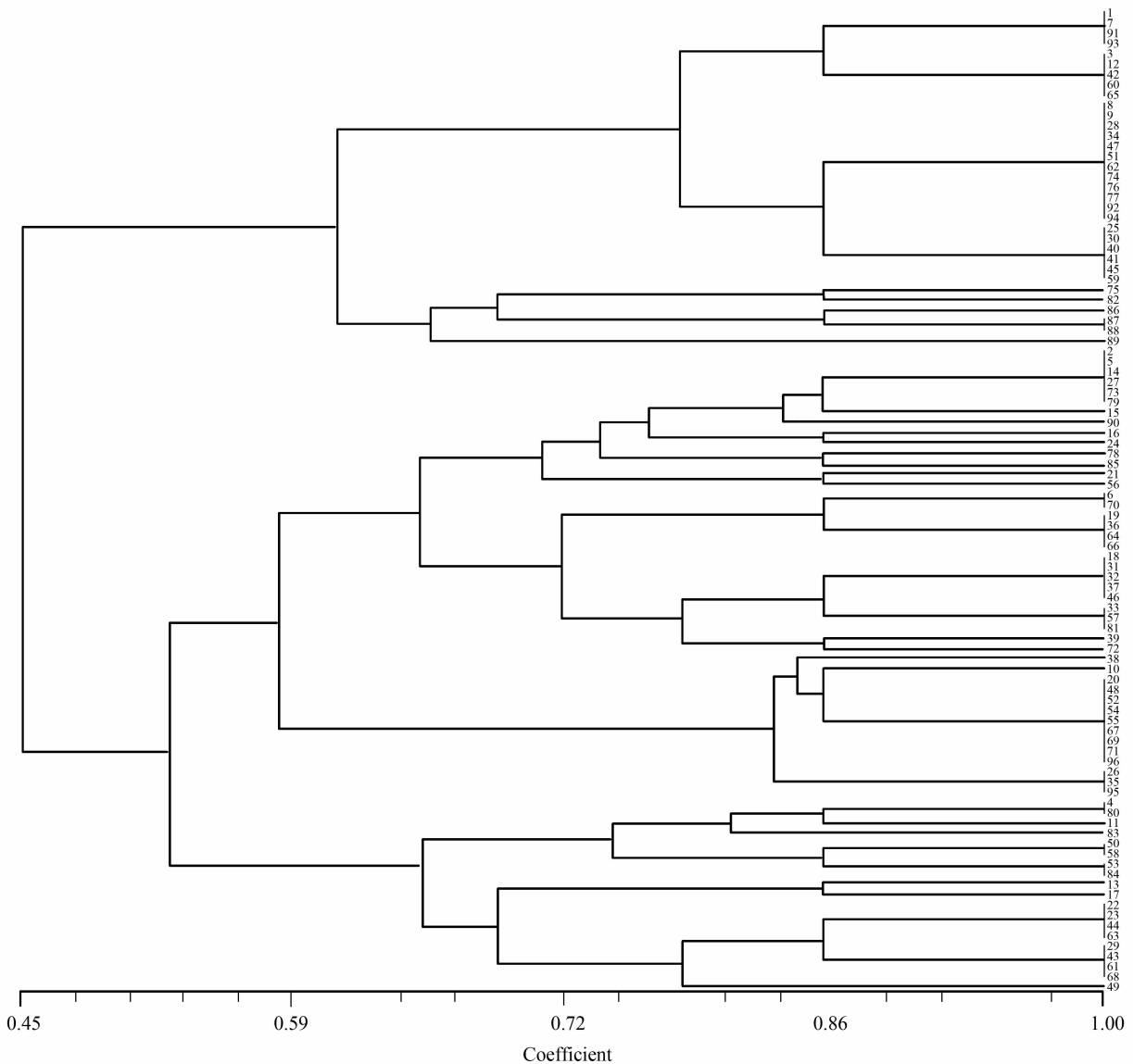


图2 96个大豆品种对大豆疫霉抗性的聚类分析

Fig. 2 Dendrogram of the tested 96 soybean varieties

方法有遗传分析法和基因推导法。遗传分析法是将未知基因的材料与已知抗病基因品种杂交,再进行等位性测验,但其存在杂交群体要大、费时费工、实验周期长等缺点。因此此种方法适宜于少数重点品种的分析,不能用于大量品种材料的抗性基因研究。

基因推导法的实验周期短、不受生长季节的限制,可在较短的时间内对大量的品种进行分析,但其也有不足之处,如可能受实验环境条件的影响。此外,基因间互作、寄主或小种的杂合性和遗传背景等因素也使其准确性不如常规遗传学方法,仅根据供试菌株在品种上表现的侵染型来推导抗性基因是不

够的,必须结合系谱来进行分析。另外,这种推导基因型的方法只能提供可能的结果,特别是对于那些抗所有菌株的抗病基因,这种方法只能发现它们的存在,却不能加以区分。因此对抗病材料的研究,可先采用基因推导法对大量未知抗源进行分析,鉴定出它们可能含有的抗病基因,进一步的工作就是应用常规遗传学的方法和分子生物学技术对这些少数的抗病基因进行深入的研究。

接种结果显示黄淮地区的96份大豆品种(系)中含 *Rps3a*、*Rps3b*、*Rps7* 反应模式的频率较高,这表明黄淮地区大豆品种(系)中含有这3个抗性基因的频率较高,与 Kyle 等^[14]的研究结果相似。

3.2 大豆抗疫霉根腐病资源的分布

我国是大豆的起源地,拥有丰富的大豆资源。国内外对我国大豆资源抗疫霉根腐病筛选结果表明,我国存在丰富的抗性资源,但抗性资源丰富度和多样性在地理分布上存在差异。Lohnes 等^[15]用 4 个生理小种接种评价了 726 份大豆资源的抗性,结果显示安徽、江苏、山东和河南等省存在高频率的抗疫霉根腐病大豆资源和极其丰富的抗性多样性。Kyle 等^[14]利用 10 个大豆疫霉菌生理小种评价了我国南方的 628 份大豆种质资源,鉴定结果普遍存在对大豆疫霉根腐病的抗性,其中以湖北、江苏和四川的资源抗性最为丰富。杜青等^[16]对来自我国不同大豆生态区的 120 个栽培品种(系)进行抗大豆疫霉根腐病的鉴定,结果表明河南、安徽品种(系)中存在较丰富的抗性多样性。用 7 个具有不同毒力公式的大豆疫霉菌株接种评价了 96 份黄淮夏大豆资源,结果再次证明,我国黄淮地区大豆存在丰富的抗性多样性。

系统聚类方法是大豆品种疫霉根腐病抗性分类的有效手段,它可根据对大豆疫霉不同菌株抗性表现的相似程度,将供试品种划分为若干类群,类群内具有相似的抗性反应组合,而类群间具有较明显的抗性反应差异。根据 96 份黄淮夏大豆种质资源对 7 个菌株抗性反应的特点,可划分为 8 个类群,对这些不同类群抗性种质的遗传分析和选择性利用,不仅可望从中挖掘新的抗性基因,同时有利于提高大豆疫霉根腐病抗性育种的效率以及在生产上的合理交替种植或搭配使用,从而达到延长推广品种的使用年限,有效控制大豆疫霉根腐病的发生和危害。

参考文献

- [1] Schmitthenner A F. Problems and progress in control *Phytophthora* root rot of soybean [J]. *Plant Disease*, 1985, 69: 362-368.
- [2] Bhattacharyya M K, Narayanan N N, Gao H, et al. Identification of a large cluster of coiled coil-nucleotide binding site-leucine rich repeat-type genes from the *Rps1* region containing *Phytophthora* resistance genes in soybean [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2005, 111: 75-86.
- [3] 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: 536-541.
- [4] Diers B W, Mansur L, Imsande J. Mapping *Phytophthora* resistance loci in soybean with restriction fragment length polymorphism markers [J]. *Crop Science*, 1992, 32: 377-383.
- [5] Demirbas A, Rector B G, Lohnes D G, et al. Simple sequence repeat markers linked to the soybean *Rps* genes for *Phytophthora* resistance [J]. *Crop Science*, 2001, 41: 1220-1227.
- [6] 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: 442-446.
- [7] Gordon S G, Martin S K St, Dorrance A E. *Rps8* maps to a resistance gene rich region on soybean molecular linkage group F [J]. *Crop Science*, 2006, 46: 168-173.
- [8] Leitz R A, Hartman G L, Pedersen W L, et al. Races of *Phytophthora sojae* on soybean in Illinois [J]. *Plant Disease*, 2000, 84: 487.
- [9] 周益林,段霞瑜,陈刚,等. 40 个小麦优良品种资源的抗白粉病基因推导[J]. *植物病理学报*, 2002, 32(4): 301-305. (Zhou Y L, Duan X Y, Chen G, et al. Analyses of resistance genes of 40 wheat cultivars or lines to wheat powdery mildew [J]. *Acta Phthopathologica Sinica*, 2002, 32(4): 301-305.)
- [10] 牛永春,乔奇,吴立人. 豫鲁皖三省重要小麦品种抗条锈基因推导[J]. *植物病理学报*, 2000, 30(2): 122-128. (Niu Y C, Qiao Q, Wu L R. Postulation of resistance genes to stripe rust in commercial wheat cultivars from Henna, Shandong and Anhui provinces [J]. *Acta Phthopathologica Sinica*, 2000, 30(2): 122-128.)
- [11] 杨文香. 21 个小麦品种(系)抗叶锈性基因推导[J]. *河北农业大学学报*, 2000, 23(3): 69-72. (Yang W X. The postulated genes for resistance to leaf rust in 21 wheat cultivars used in Hebei province [J]. *Journal of Agricultural University of Hebei*, 2000, 23(3): 69-72.)
- [12] Buzzell R I, Anderson T R. Inheritance and race reaction of a new soybean *Rps1* allele [J]. *Plant Disease*, 1992, 76: 600-601.
- [13] 郑小波. 疫霉菌及其研究技术[M]. 北京: 中国农业出版社, 1997: 81-86. (Zheng X B. *Phytophthora and Technique*[M]. Beijing: Agricultural Press, 1997: 81-86.)
- [14] Kyle D C, 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.
- [15] 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.
- [16] 杜青,朱振东,肖炎农,等. 用 SSR 标记分析抗疫霉根腐病大豆品种(系)的遗传多样性[J]. *植物遗传资源学报*, 2007, 8(3): 253-260. (Du Q, Zhu Z D, Xiao Y N, et al. Genetic diversity of soybean cultivars (lines) resistant to *Phytophthora sojae* based on SSR markers [J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2007, 8(3): 253-260.)