

大豆疫霉菌对大豆幼苗致病性的遗传变异研究

左豫虎^{1,2},崔素萍²,黄丽丽¹,侯巨梅³,韩青梅¹,康振生¹

(1 西北农林科技大学 植保学院 陕西省农业分子生物学重点实验室,陕西 杨凌 712100;2 黑龙江八一农垦大学 植物科技学院,黑龙江 大庆 163319;3 景德镇高等专科学校 生物与化学工程系,江西 景德镇 333000)

【摘 要】 【目的】研究黑龙江省大豆疫霉菌的致病性特性及其遗传变异特点,为进一步探讨大豆疫霉菌致病力的遗传变异机制奠定基础。【方法】用国际标准鉴别寄主和黑龙江省部分主栽大豆品种测定黑龙江省大豆疫霉菌株的致病性,以大豆疫霉野生型菌株的单游动孢子分离物为亲本,建立连续 2 代单游动孢子无性后代和 1 代单卵孢后代,测定大豆疫霉菌致病力的遗传变异特性。【结果】黑龙江省大豆疫霉菌株对黑龙江省大豆主栽品种表现出不同的致病性,但对国际标准鉴别寄主不致病。控制大豆疫霉菌致病力的某些致病基因在连续 2 代单游动孢子后代和 1 代单卵孢后代中发生变异,而其他致病基因遗传稳定。【结论】黑龙江省大豆疫霉菌株和大豆品种具有美国大豆疫霉菌株和大豆品种所不具有的更为复杂的遗传多样性,用国际标准鉴别寄主鉴别黑龙江省大豆疫霉菌株的致病性存在明显的局限性。控制大豆疫霉菌的致病基因分布在不同位点,有的遗传稳定,由纯合的核基因控制;有的遗传不稳定,由杂合基因或细胞质基因控制,其有性和无性后代均发生变异。

【关键词】 大豆疫霉菌;大豆幼苗;单游动孢子;单卵孢后代;黑龙江省

【中图分类号】 S435.651 【文献标识码】 A 【文章编号】 1671-9387(2008)08-0170-07

On inheritance of pathogenicity of *Phytophthora sojae* to soybean seedlings

ZUO Yu-hu^{1,2},CUI Su-ping²,HUANG Li-li¹,
HOU Ju-mei³,HAN Qing-mei¹,KANG Zhen-sheng¹

(1 College of Plant Protection and Shaanxi Key Laboratory of Molecular Biology for Agriculture, Northwest A&F University, Yangling, Shaanxi 712100, China; 2 College of Plant Science and Technology, Heilongjiang August First Land Reclamation University, Daqing, Heilongjiang 163319, China; 3 Department of Biology and Chemical Engineering, Jingdezhen Comprehensive College, Jingdezhen, Jiangxi 333000, China)

Abstract: 【Objective】 The pathogenicity and inherited characteristic of pathogenicity of phytophthora-sojiae in Heilongjiang were studied, which will be helpful to reveal the genetic variation mechanism of the pathogenicity of *P. sojae*. 【Method】 The pathogenicity of *P. sojae* was identified by international standard differential cultivars and main soybean cultivars in Heilongjiang. The single-zoospore from a wild-type of *P. sojae* was selected as the parent isolate, from which two successive single-zoospore progenies and one single-oopore generation were established to evaluate the inheritance of the pathogenicity of *P. sojae*. 【Result】 The *P. sojae* in Heilongjiang had pathogenicity to some main soybean cultivars in Heilongjiang, but

* [收稿日期] 2007-09-20
[基金项目] 国家重点基础研究发展规划项目(2002CB111406); 教育部长江学者和创新团队发展计划项目(IRT0558); 黑龙江省农垦总局项目(HNKXIV-02-04-01); 高等学校学科创新引智计划项目(B07049)
[作者简介] 左豫虎(1965—),男,河南新郑人,教授,博士生导师,主要从事植物病原真菌学及植物真菌病害研究。E-mail: zuoyihu@163.com
[通讯作者] 康振生(1957—),男,四川安岳人,教授,博士生导师,主要从事病原物与寄主植物互作关系的细胞学和分子生物学研究。E-mail: kangzs@nwsuaf.edu.cn

no pathogenicity to international standard differential cultivars. The successive variation of some pathogenicity genes was observed in both two single-zoospore and one single-oospore progenies, and the inheritance of other pathogenicity genes was stable. 【Conclusion】 The *P. sojae* and some main soybean cultivars in Heilongjiang have more complex genetic diversity than that of in America. There are obvious limitations to identify the pathogenicity of *P. sojae* in Heilongjiang by international standard differential cultivars. The pathogenicity genes which controlled the pathogenicity of *P. sojae* were located difference inheritance site. Some pathogenicity was steadily inherited, which suggested that the virulence genes controlling the pathogenicity appeared to be homozygous nuclear gene. Some pathogenicity was not steadily inherited, which suggested that the pathogenicity genes controlling the pathogenicity appeared to be heterozygous nuclear gene or cytoplasmic gene, and the variation of pathogenicity of *P. sojae* maybe occur in single-zoospore and single-oospore progenies.

Key words: *Phytophthora sojae*; soybean seedling; single-zoospore; single-oospore progeny; Heilongjiang province

大豆疫霉菌(*Phytophthora sojae*)为同宗配合疫霉种,是检疫性病害大豆疫病的病原。1959 年 Hildebrand^[1]发现不同大豆疫霉菌分离物的毒力有差异,认为大豆疫霉菌存在生理株系。自 1965 年 Morgan 等^[2]首次报道了大豆疫霉菌的生理专化性,描述了 2 号小种以来,迄今已报道的大豆疫霉菌生理小种有 55 个^[3],另外还有一些分离物的致病反应不属于任何小种,属于中间类型。朱振东等^[4-5]用国际标准鉴别寄主从黑龙江鉴定出 5 个大豆疫霉菌小种,从安徽鉴定出 2 个小种,并确定当前黑龙江省的优势种为 1 号生理小种。Layton 等^[6]对生理小种作了进一步研究,指出小种之间没有形态和生化方面的差异。然而迄今为止,有关大豆疫霉对大豆毒性的分化机制尚不十分清楚。为此,本试验研究了大豆疫霉菌单游动孢子后代和单卵孢后代对大豆幼苗致病力的遗传变异,以期初步揭示大豆疫霉对大豆幼苗致病力的遗传变异特性和致病力分化的遗传机制。

1 材料与方法

1.1 材 料

1.1.1 供试菌株 供试大豆疫霉菌株 Ps411^[7]、Ps111^[7]、Ps223^[7]、597-3^[8] 为野生型分离物,Ps411Mt^r1^[9]、Ps411Mt^r2^[9] 为自 Ps411 野生型菌株中筛选到的抗甲霜灵菌株、Ps411Mt^r2-1-36^[9] 为 Ps411Mt^r2 菌株的单孢分离物,所有菌株均由黑龙江八一农垦大学植物免疫研究室提供。美国菌株 R1 和 R25,由中国农业科学院王晓鸣研究员惠赠。供试菌株于胡萝卜琼脂(CA)培养基^[10]培养 7 d 后,用于试验。

1.1.2 供试大豆品种 鉴别寄主为 Harlon (*Rps1a*)、Harosoy13XY (*Rps1b*)、Williams79 (*Rps1c*)、PI103091 (*Rps1d*)、William82 (*Rps1k*)、L83-570 (*Rps3a*)、Harosoy62XX (*Rps6*)、Harosoy (*Rps7*),感病对照品种为 Haro7(*rps*)。鉴别寄主原种由中国农业科学院王晓鸣研究员惠赠,在黑龙江八一农垦大学农科所试验田繁殖。国内主栽品种 857-1 由黑龙江省 857 农场种子公司提供;绥农 8 (SN8)、绥农 14 (SN14)、绥农 17 (SN17)、绥农 18 (SN18)、绥农 20 (SN20),由黑龙江省绥化农业科学研究所提供;垦农 4 (KN4)、垦农 5 (KN5)、垦农 19 (KN19)、垦丰 9 (KF9)、东农 42 (DN42)、合丰 45 (HF45)和垦鉴豆 10 (KJD10),由黑龙江八一农垦大学大豆育种研究室提供。

1.2 大豆疫霉菌单游动孢子的分离

参照左豫虎等^[11]的方法分离单游动孢子。以野生型菌株 Ps411 为亲本分离的单游动孢子后代记为第 0 代(ZG0),单孢分离物记为 Ps411-0-分离号;以 ZG0 代亲本分离的单游动孢子后代记为第 1 代(ZG1),单孢分离物记为 Ps411-1-分离号;以 ZG1 代亲本分离的单游动孢子后代记为第 2 代(ZG2),单孢分离物记为 Ps411-2-分离号。选用 ZG0 代单孢分离物中的 Ps411-0-5、Ps411-0-9 和 Ps411-0-24 菌株,ZG1 代单孢分离物中的 Ps411-1-1、Ps411-1-2、Ps411-1-3、Ps411-1-4 菌株,ZG2 代单孢分离物中的 Ps411-2-2、Ps411-2-3、Ps411-2-4、Ps411-2-6、Ps411-2-9 菌株进行致病性变异测定试验。

1.3 大豆疫霉菌单卵孢株群体的建立

以 1.2 获得的游动孢子单孢株为亲本,将其移

植到 CA 平板上,用 parafilm 膜密封培养皿,置黑暗中培养 35 d。然后将有成熟卵孢子的培养基切成 3~4 mm 的小段,加入适量无菌水,使其刚好湿润浸没,置于-20 ℃冰箱中冷冻 18~24 h,随后放入 4 ℃冰箱中缓慢解冻,再经研钵充分研磨后,转入灭菌的离心管内,振荡 5 min,以使卵孢子从菌丝上脱落。取菌液 1 000 r/min 离心 5 min,弃上清液,然后加灭菌水反复冲洗离心 2~3 次,用灭菌吸管将表面的菌丝剩余物吸净,离心获得卵孢子,用 10 mL 灭菌水重新悬浮卵孢子,即得到卵孢子悬浮液。用微量加样器吸取卵孢子悬浮液涂布于含利福平和阿比西林(含量均为 50 μg/mL)的水琼脂(WA)平板上,置于 25 ℃、40 W 日光灯下连续照射培养 3~4 d,镜检,切取由单个卵孢子形成的小菌落,将其移到 CA 平板上,置黑暗中培养 3 d,即可获得单卵孢分离物。获得的第 1 代单卵孢分离物记为 OG1-分离号;以 OG1 代单卵孢分离物为亲本分离获得的第 2 代单卵孢分离物记为 OG2-分离号;以单卵孢分离物为亲本分离获得的单游动孢子分离物记为 OGZ-分离号。以第 1 代单卵孢分离物 OG1-2、OG1-5、OG1-6、OG1-8、OG1-10、OG1-13、OG1-18、OG1-26、OG1-28,第 2 代单卵孢分离物 OG2-1、OG2-2、OG2-3、OG2-4、OG2-5,单游动孢子分离物 OZ-1、OZ-2、OZ-3、OZ-4、OZ-5 为试材,研究大豆疫霉菌致病性在有性和无性后代上的遗传变异情况。

1.4 大豆疫霉致病力特性的测定

1.4.1 大豆植株的培育 每个大豆品种挑选 20 粒

种子播种于以灭菌河沙为基质的大小为 180 mm×150 mm 的塑料花盆中,育苗温度为 22~26 ℃,待豆苗真叶展开后,剔除生长不正常的豆苗,留大小一致的幼苗接种。

1.4.2 大豆疫霉的接种 参考左豫虎等^[12]的菌丝下胚轴伤口接种法接种。

1.4.3 大豆抗性的评价^[4,13] 接种后 5~6 d 进行病情调查,感病植株接种后很快发生整株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褐变,但植株生长正常。一个品种(系)如果有≥70%的植株死亡则判为感病(Susceptible, S);如有<30%的植株死亡则判为抗病(Resistant, R),死亡植株在 31%~69%的归为中间类型(Intermediate, I)。试验重复 3 次。

2 结果与分析

2.1 大豆疫霉的致病力特性

2.1.1 对鉴别寄主的致病性 表 1 表明,8 个鉴别寄主对美国菌株 R1 和 R25 表现出不同的抗性,说明供试的美国大豆疫霉菌株可以克服一些抗病基因,对不同的鉴别寄主有不同的致病性;在供试的黑龙江省菌株中,除 Ps411-0-9 菌株克服了 *Rps7* 的抗性(Harosoy 表现感病)及 597-3 接种 Harlon (*Rps1a*)和 L83-570(*Rps3a*)2 品种表现为中间类型外,其他菌株均不能克服 8 个抗病基因,鉴别寄主均表现为抗病,因此用鉴别寄主无法鉴定供试的黑龙江省菌株的致病力变异情况。

表 1 大豆疫霉菌株对鉴别寄主的致病性
Table 1 Pathogenicity of isolates of *P. sojae* to differential cultivar

大豆品种 Soybean cultivars	基因型 Rps gene	菌株 Strain									
		Ps411	Ps411-0-9	Ps411Mtr1	Ps411 Mtr2	Ps411 Mtr2-1-36	597-3	Ps111	Ps223	R1	R25
Haro7(CK)	<i>rps</i>	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
Harlon	<i>Rps1a</i>	R	R	R	R	R	I	R	R	S	I
Harosoy13XY	<i>Rps1b</i>	R	R	R	R	R	R	R	R	S	S
Williams79	<i>Rps1c</i>	R	R	R	R	R	R	R	R	S	S
PI103091	<i>Rps1d</i>	R	R	R	R	R	R	R	R	S	S
Williams82	<i>Rps1k</i>	R	R	R	R	R	R	R	R	S	I
L83-570	<i>Rps3a</i>	R	R	R	R	R	I	R	R	S	R
Harosoy62XX	<i>Rps6</i>	R	R	R	R	R	R	R	R	I	R
Harosoy	<i>Rps7</i>	R	S	R	R	R	R	R	R	I	R

2.1.2 对国内主栽品种的致病性 黑龙江省部分主栽品种对参试菌株及美国小种 R1 和 R25 有不同的反应(表 2),在这些品种中抗病(R)、感病(S)和中间类型(I)均存在,说明黑龙江省大豆疫霉菌株的遗传背景与美国菌株有很大差异。黑龙江省部分大豆主栽品种对黑龙江省大豆疫霉菌株表现出不同的抗

病性,垦农 4 和绥农 8 对所有供试菌株都表现出较强的抗性;绥农 14、绥农 17、垦农 19 和合丰 45 等品种对不同大豆疫霉菌株的抗病性不同;品种东农 42、垦农 5 和绥农 20 对 Ps411 表现为中间类型,对其他供试菌株表现感病;品种 857-1 对全部黑龙江省供试菌株表现感病。由于大豆与大豆疫霉菌的相

互关系是基因对基因的关系,因此可以断定黑龙江省的大豆疫霉菌株可能含有美国菌株不具有的致病基因和无毒基因,同时中国的大豆品种也具有美国品种所不具有的感病基因和抗病基因。

表 2 大豆疫霉菌株对黑龙江省部分主栽品种的致病性

大豆品种 Soybean cultivars	菌株 Strain						
	Ps411	Ps411-5	Ps411-9	597-3	Ps111	R1	R25
Haro7(rps)	S	S	S	S	S	S	I
857-1	S	S	S	S	S	S	S
绥农 8 SN 8	R	R	R	R	R	R	R
垦农 4 KN 4	R	R	R	R	R	R	I
东农 42 DN 42	I	S	S	S	S	S	S
垦农 5 KN 5	I	—	S	S	S	S	S
绥农 14 SN 14	R	I	R	R	R	R	I
垦鉴豆 10 KJD 10	I	S	S	S	I	S	S
绥农 17 SN 17	R	I	R	R	R	R	I
绥农 18 SN 18	I	S	R	S	S	S	I
垦农 19 KN 19	I	I	S	I	R	R	S
垦丰 9 KF 9	R	S	R	I	R	I	R
绥农 20 SN 20	I	S	S	S	S	S	R
合丰 45 HF 45	R	S	R	S	I	I	R

2.2 大豆疫霉菌单游动孢子后代对绥农 8 的致病性

本研究测定了来自 Ps411 菌株的 ZG0 和来自 Ps411-0-24 菌株的 ZG1 代单游动孢子菌株对绥农 8 的致病性。结果(表 3)发现,以野生型菌株 Ps411 为亲本分离的 33 株 ZG0 代单游动孢子中,24 株不致病,9 株为中间类型(占供试菌株的 37.5%),野生

型亲本菌株表现为不致病;ZG1 代群体 58 株单游动孢子中,51 株不致病,7 株为中间类型(占供试菌株的 13.7%),其亲本 Ps411-0-24 菌株不致病;ZG1 代群体出现的中间类型比例明显低于 ZG0 代。以上结果说明,自然野生型菌株的基因型具有一定杂合性,并且单游动孢子后代可能存在异核性或异质性。

表 3 大豆疫霉菌株单游动孢子后代对绥农 8 号大豆的致病力

代别 Generation	游动孢子数量 No. of single-zoospore		
	总数 Total	不致病类型 No virulence single-zoospore	中间类型 Intermediate virulence single-zoospore
Ps411 (野生型亲本) Wild type, Parent of ZG0	—	1	—
ZG0	33	24	9
Ps411-0-24 (ZG1 的亲本) Parent of ZG1	1	1	—
ZG1	58	51	7

表 4 为来自单游动孢子菌株 Ps411-0-9 的连续两代单游动孢子后代 ZG1 和 ZG2 对黑龙江省部分主栽品种的致病性变异情况。结果表明,大豆疫霉菌单游动孢子后代致病力在部分大豆主栽品种上表现稳定,在部分大豆主栽品种上表现明显变异;变异主要表现在绥农 18、垦农 19、垦丰 9 和合丰 45 等 4 个品种上,在其他品种上致病力遗传表现比较稳定。以上结果表明,大豆疫霉菌的部分致病基因由核基因控制,表现为在无性后代遗传稳定;部分致病基因(对绥农 18、垦农 19、垦丰 9 和合丰 45 等 4 个品种致病的基因)由细胞质遗传基因控制,遗传不稳定,易在无性后代中发生变异。

2.3 大豆疫霉菌单卵孢子后代对大豆的致病性

表 5 为来自单游动孢子 Ps411-0-9 的单卵孢第 1 代(OG1)群体对黑龙江省部分主栽品种的致病力遗传变异情况。结果表明,OG1 群体对黑龙江省部分主栽大豆品种幼苗的致病力有明显的变异。变异集中表现在绥农 18、垦农 19、垦丰 9 和合丰 45 等 4 个品种上,Ps411-0-9 对绥农 18、垦丰 9 和合丰 45 不致病,但其卵孢子后代对绥农 18 均致病,对垦丰 9 和合丰 45 的致病性也明显增强;Ps411-0-9 对垦农 19 致病性较强,但其卵孢子后代对垦农 19 的致病性减弱。病原菌对绥农 8、东农 42、绥农 14、垦鉴豆 10 等 4 个品种的致病力变异程度相对较弱,4 个品种仅表现有抗病或感病类型转变为中间类型,变异

率也较低;对垦农 4 的致病力未出现变异。

以上结果说明,大豆疫霉的某些致病基因(对垦丰 9、绥农 14、绥农 18、合丰 45 和垦农 19 致病的基因)由细胞核杂合多基因控制,在进行有性生殖时发

生分离变异;而某些致病基因是纯合的,在有性后代中稳定遗传。因此,大豆疫霉菌致病性变异可能与其菌株间在自然条件下发生有性生殖杂交有关,这可能也是大豆疫霉毒性变异频率高的原因之一。

表 4 Ps411 菌株单游动孢子后代对黑龙江省部分主栽大豆品种的致病性

Table 4 Pathogenicity of the single-zoospore generation of <i>P. sojae</i> to some main soybean cultivars in Heilongjiang														
大豆品种 Soybean cultivars	Ps411 野生型 Wild-type	ZG1 代致病力 Pathogenicity of the first single-zoospore generation to soybean seedling					ZG2 代致病力 Pathogenicity of the second single-zoospore generation to soybean seedling							
		Ps411-0-9 亲本 Parent				1-4	Ps411-1-1 亲本 Parent			2-2	2-3	2-4	2-6	2-9
		1-1	1-2	1-3	1-4		2-2	2-3	2-4					
Haro7(rps)	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	
857-1	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	—	—	—	
绥农 8 SN 8	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	
垦农 4 KN 4	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	
东农 42 DN 42	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	
垦农 5 KN 5	S	S	S	S	S	S	S	—	S	S	—	—	—	
绥农 14 SN 14	R	R	R	I	R	R	R	R	R	R	R	R	R	
垦鉴豆 10 FJD 10	S	S	S	S	S	S	S	S	I	S	S	S	S	
绥农 17 SN 17	R	R	R	R	R	I	R	R	R	R	R	R	R	
绥农 18 SN 18	S	R	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	
垦农 19 KN 19	R	S	S	R	S	S	S	R	I	R	R	R	R	
垦丰 9 KF 9	S	R	I	S	S	S	I	R	R	R	I	S	S	
绥农 20 SN 20	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	
合丰 45 HF 45	S	R	S	S	S	S	S	R	I	I	I	R	R	

注:1-1~1-4 分别为 Ps411-0-9 的单游动孢子分离物 Ps411-1-1、Ps411-1-2、Ps411-1-3 和 Ps411-1-4;2-2~2-9 分别为 Ps411-1-1 的单游动孢子分离物 Ps411-2-2、Ps411-2-3、Ps411-2-4、Ps411-2-6 和 Ps411-2-9。

Note: 1-1—1-4 indicated Ps411-1-1,Ps411-1-2,Ps411-1-3 and Ps411-1-4 which were the single-zoospore generation of Ps411-0—9;2-2—2-9 indicated Ps411-2-2,Ps411-2-3,Ps411-2-4,Ps411-2-6 and Ps411-2-9 which were the single-zoospore generation of Ps411-1-1.

表 5 Ps411 菌株单卵孢后代对黑龙江省部分主栽大豆品种的致病性

Table 5 Pathogenicity of the first single-oospore generation of isolate Ps411 of <i>P. sojae</i> to some main soybean cultivars in Heilongjiang										
大豆品种 Soybean cultivars	Ps411 单卵孢后代致病性 Pathogenicity of the first single-oospore generation									
	Ps411-0-9 亲本 Parent	OG1-2	OG1-5	OG1-6	OG1-8	OG1-10	OG1-13	OG1-18	OG1-26	OG1-28
Haro7(rps)	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
绥农 8 SN 8	R	R	R	R	I	R	R	I	R	R
垦农 4 KN 4	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R
东农 42 DN 42	S	S	I	S	S	S	S	S	S	S
绥农 14 SN 14	R	R	I	R	I	I	I	I	I	R
垦鉴豆 10 KJD 10	S	S	I	S	S	S	S	S	S	S
绥农 18 SN 18	R	S	S	S	S	S	S	S	S	S
垦农 19 KN 19	S	R	I	I	I	R	I	I	R	R
垦丰 9 KF 9	R	I	S	S	I	I	I	I	I	I
合丰 45 HF 45	R	S	I	S	S	S	S	S	S	S

2.4 大豆疫霉菌单卵孢株分离物的游动孢子后代和单卵孢后代对大豆的致病性

本研究测定了来自单卵孢株分离物 OG1-2 的第 2 代单卵孢后代(OG2)和单游动孢子后代(OGZ)对黑龙江省部分大豆主栽品种的致病性。结果(表 6)表明,致病性变异主要表现在绥农 14、垦农 19 和垦丰 9 等 3 个品种上。对垦丰 9 的致病力在无性后代(OGZ)中遗传稳定,发病程度与亲本一致;在有性

后代(OG2)中发生变异,一株致病力增强,一株致病力降低,说明对垦丰 9 致病的基因可能由细胞核杂合多基因控制;对绥农 14 和垦农 19 的致病力在有性和无性后代中均发生了变异,说明对这 2 个品种致病的基因可能由细胞核杂合基因控制,同时细胞质基因也可能参与致病力遗传的调控。无性后代(OGZ)和有性后代(OG2)对供试的其他大豆品种的致病性未出现变异,表明对这些大豆主栽品种致病

的基因由细胞核纯合基因控制,在有性和无性后代中遗传稳定。

表 6 Ps411 菌株单卵孢的游动孢子和卵孢子后代对黑龙江省部分大豆主栽品种的致病性

Table 6 Pathogenicity of the single-zoospore and single-oospore progenies from the first single-oospore generation of isolate Ps411 of *P. sojae* to some main soybean cultivars in Heilongjiang province

大豆品种 Soybean cultivars	OG1-2(亲本) The first single-oospore (parent control)	OG2 代致病力测定					OGZ 代致病力测定				
		Pathogenicity of the second single-oospore generation from the first single-oospore					Pathogenicity of the first single-zoospore generation from the first single-oospore				
		2-1	2-2	2-3	2-4	2-5	Z-1	Z-2	Z-3	Z-4	Z-5
Haro7(rps)	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
绥农 8 SN 8	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R
垦农 4 KN 4	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R
东农 42 DN 42	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
绥农 14 SN 14	R	I	I	R	R	R	I	I	I	I	I
垦鉴豆 10 KJD 10	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
绥农 17 SN 17	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R
绥农 18 SN 18	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
垦农 19 KN 19	R	I	R	R	R	R	I	I	I	I	S
垦丰 9 KF 9	I	I	I	S	I	R	I	I	I	I	I
绥农 20 SN 20	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
合丰 45 HF 45	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S

注:2-1~2-5 分别为 OG1-2 的单卵孢 OG2-1、OG2-2、OG2-3、OG2-4 和 OG2-5;Z-1~Z-5 分别为 OG1-2 的单游动孢子分离物 OGZ-1、OGZ-2、OGZ-3、OGZ-4 和 OGZ-5。

Note: 2-1—2-5 indicated OG2-1, OG2-2, OG2-3, OG2-4 and OG2-5 which were the single-oospore generation of OG1-2; Z-1—Z-5 indicated OGZ-1, OGZ-2, OGZ-3, OGZ-4 and OGZ-5 which were the single-zoospore generation of OG1-2.

3 讨 论

3.1 大豆疫霉致病性特性

黑龙江省大豆疫霉菌株对美国标准鉴别寄主不致病,其原因可能是:(1)已鉴定出大豆中有 13 个抗大豆疫霉菌的显性单基因(*Rps*),而本试验所用的生理小种缺少 *Rps*2,3b,3c,4,5 抗病基因,或许黑龙江省菌株能克服这些基因;(2)黑龙江省大豆主栽品种不含有这些抗病基因,因而在长期的进化和选择过程中大豆疫霉丢失了克服这些抗病基因的致病基因;(3)黑龙江省部分大豆主栽品种在与大豆疫霉的长期进化互作中具有了较为复杂的多基因抗性,这也可能是垦农 4 和绥农 8 表现抗病性的原因。

黑龙江省大豆疫霉菌株对黑龙江省部分大豆主栽品种表现出的致病性明显不同,其原因可能是:(1)对于表现高度感病的品种,如 857-1、东农 42、垦农 5 号、垦鉴豆 10 和绥农 20 等,其感病的原因可能是由于这些品种不含抗病基因;也可能由于黑龙江省菌株在与寄主大豆的协同进化过程中,克服了本试验供试品种所含的抗病基因,因此上述品种表现高度感病。(2)对于如垦农 4 和绥农 8 表现较强抗病性的品种,其抗病原因可能是由于这些品种存在多基因抗性,在长期的病原寄主协同进化过程中,病原菌始终未能克服品种的抗病性。(3)对于绥农

14、绥农 17、垦农 19 和合丰 45 等品种对不同大豆疫霉菌株抗病性不同,说明这些品种含有针对某些大豆疫霉致病基因的抗病基因,而缺乏对另外一些致病基因的抗病基因,因而表现出不同的抗病性。这也说明,在长期的病原—寄主协同进化中,黑龙江省菌株和大豆品种具有美国菌株和大豆品种所不具有的更为复杂的遗传背景和遗传多样性。国外研究认为,我国大豆种质资源对大豆疫霉菌的抗性是十分普遍的,许多资源中存在多个抗病性基因^[14-15]。本研究结果亦可证实,中国大豆品种拥有更丰富的抗性基因资源,但这尚有待于进一步研究证明。

3.2 大豆疫霉致病力的遗传与变异

一般认为病原菌的致病力变异是逐渐增强的,但本试验结果出现了致病力降低的变异,可能与游动孢子异核性或异质性有关。Gallegly^[16]认为,疫霉菌致病力的遗传与变异可能由细胞核因子控制。Caten^[17]认为,该性状与细胞中的线粒体基因有关。也有报道认为,异核现象是 *P. megasperma* 致病力变异的原因^[18]。还有研究发现,*P. drechsleri*,*P. boehmeriae*,*P. cactorum* 致病力的变异是由亲本细胞核基因的杂合性所致^[19-22]。本研究结果初步表明,大豆疫霉的致病性遗传极为复杂,致病性性状的变异可能与细胞核纯合基因、细胞核杂合基因、细胞质基因和单游动孢子的异核性或异质性有关,这可

能是大豆疫霉致病性具有高度变异性和遗传多样性的遗传基础。

4 结 论

黑龙江省大豆疫霉菌株对黑龙江省大豆主栽品种表现出不同的致病性,但对国际标准鉴别寄主不致病,因此用国际标准鉴别寄主鉴别黑龙江省大豆疫霉菌株的致病性存在明显的局限性。迫切需要建立一套适合鉴定中国大豆疫霉菌致病性的鉴别寄主,这将对我国大豆疫病研究、抗病育种和综合防治提供理论依据和技术保障。

大豆疫霉致病性的遗传状况极为复杂,控制大豆疫霉菌的致病基因分布在不同位点,有的遗传稳定,由纯合的核基因控制;有的遗传不稳定,由杂合核基因或细胞质基因控制,在有性和无性后代中均发生变异。大豆疫霉致病性的变异还可能与游动孢子异核性或异质性有关。

[参考文献]

- [1] Hildebrand A A. A root and stalk rot of soybean caused by *Phytophthora megasperma* Drechsler var. *sojae* [J]. Canadian Journal Botany, 1959, 37: 927-957.
- [2] Morgan F L, Hartwing E E. Physiologic specialization in *Phytophthora megasperma* var. *sojae* [J]. Phytopathology, 1965, 55: 1277-1279.
- [3] Leitz R A, Hartman G L, Pederson W L, et al. Races of *Phytophthora sojae* on soybean in Illinois [J]. Plant Disease, 2000, 84(4): 487.
- [4] 朱振东, 王晓明, 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. (in Chinese)
- [5] 朱振东, 王晓明, 王化波, 等. 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): 236-240.
Zhu Z D, Wang X M, Wang H B, et al. Identification and race of *Phytophthora sojae* isolates collected in Mengcheng, Anhui province [J]. Acta Phytopathologica Sinica, 2001, 31(3): 236-240. (in Chinese)
- [6] Layton A C, Athow K L, Lavolette F A. Inheritance of resistance to *Phytophthora megasperma* f. sp. *glycinea* in a soybean plant introduction [J]. Plant Disease, 1984, 68(12): 1080-1083.
- [7] 臧忠婧, 左豫虎, 刘惕若, 等. 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, et al. Study on pathogenicity, isolate method and identify of different isolations of *Phytophthora sojae* [J]. Journal of Heilongjiang August First Land Reclamation University, 2000, 12(1): 37-42. (in Chinese)
- [8] 文景芝, 陈宏宇. 大豆疫霉菌致病性分化研究 [J]. 中国油料作物学报, 2002, 24(1): 63-66.
Wen J Z, Chen H Y. Races and virulence phenotypes of *Phytophthora sojae* in Heilongjiang province and Mongolia region of China [J]. Chinese Journal of Oil Crop Sciences, 2002, 24(1): 63-66. (in Chinese)
- [9] 左豫虎, 侯巨梅, 康振生, 等. 大豆疫霉菌抗甲霜灵特性研究 [J]. 菌物学报, 2005, 24(3): 422-428.
Zuo Y H, Hou J M, Kang Z S, et al. Studies on resistances of *Phytophthora sojae* to Metalaxyl [J]. Mycosystema, 2005, 24(3): 422-428. (in Chinese)
- [10] Schmitthenner A F, Bhat R G. Useful methods for studying *Phytophthora* in the laboratory [R]. Ohio: Agricultural Research and Development Center, 1994.
- [11] 左豫虎, 侯巨梅, 康振生, 等. 大豆疫霉菌单孢分离物生物学性状的遗传变异研究 [J]. 植物病理学报, 2006, 36(4): 289-295.
Zuo Y H, Hou J M, Kang Z S, et al. Genetic variation of *Phytophthora sojae* on biological characters if single-zoospore and single-oospore cultures [J]. Acta Phytopathologica Sinica, 2006, 36(4): 289-295. (in Chinese)
- [12] 左豫虎, 薛春生, 韩文革, 等. 大豆疫霉菌对大豆幼苗的侵染特性 [J]. 植物保护学报, 2002, 29(4): 377-378.
Zuo Y H, Xue C S, Han W G, et al. The infections characteristics of *Phytophthora sojae* to soybean seedlings [J]. Journal of Plant Protection, 2002, 29(4): 377-378. (in Chinese)
- [13] Barreto D, Stegman de Gurfinkel B, Fortugno C. Races of *Phytophthora sojae* in Argentina and reaction of soybean cultivars [J]. Plant Disease, 1995, 79: 599-600.
- [14] 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.
- [15] 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.
- [16] Gallegly M E. Genetics of pathogenicity of *Phytophthora infestans* [J]. Annual Review Phytopathology, 1968, 6: 357-396.
- [17] Caten C E. Spontaneous variability of single isolates of *Phytophthora infestans* II: Pathogenic variation [J]. Canadian Journal Botany, 1971, 48: 897-905.
- [18] Loog M, Keen N T. Evidence for heterokaryosis in *Phytophthora megasperma* var. *sojae* [J]. Phytopathology, 1977, 67: 670-674.