

东北地区大豆种质资源对大豆白粉病抗性评价

胡刘涛^{1,2}, 卢婧妍^{1,2}, 赵洪锟², 刘晓冬², 袁翠平², 齐广勋², 王玉民^{1,2*},
董英山^{2*}

(1. 吉林农业大学农学院, 长春 130118; 2. 吉林省农业科学院, 长春 130033)

摘要:大豆白粉病是一种真菌性病害,在凉爽、湿度大、昼夜温差较大的环境中容易发生,并能导致大豆减产。为评价东北地区大豆资源对白粉病的抗性,本研究在温室盆栽条件下,采用人工辅助接种对主要来自东北地区的331份大豆资源进行了抗白粉病鉴定,结果表明:331份材料中,高抗资源85份,占25.7%;高感资源83份,占25.1%。不同省份高抗资源的比例为辽宁>吉林>黑龙江。地方品种中高抗资源的比例高于育成品种(系),病情指数与生育日数呈显著负相关。综合抗病性和农艺性状分析,评价出具有育种潜力的抗白粉病大豆品种(系)12份,可为东北春大豆抗白粉病育种提供抗源材料。

关键词:大豆;白粉病;抗性评价

中图分类号:S565.1

文献标识码:A

文章编号:2096-5877(2021)03-0015-05

Evaluation of Soybean Germplasm from Northeast China for Resistance to Powdery Mildew

HU Liutao^{1,2}, LU Jingyan^{1,2}, ZHAO Hongkun², LIU Xiaodong², YUAN Cuiping², QI Guangxun², WANG Yumin^{1,2*},
DONG Yingshan^{2*}

(1. College of Agronomy, Jilin Agricultural University, Changchun 130118; 2. Jilin Academy of Agricultural Sciences, Changchun 130033, China)

Abstract: Powdery mildew is a fungal disease in soybean production. It usually occurs in the environment with cool, high humidity and large temperature difference of day and night, and causes yield loss. In this study, 331 cultivated soybean accession mainly come from Northeast China were evaluated for the resistance to powdery mildew in greenhouse, using artificial supplementary inoculation with powdery mildew spores. The results showed that 85 accessions were highly resistant, accounting for 25.7%, and 83 accessions were highly susceptible, accounting for 25.1%. The proportions of high resistant germplasm were different from provinces, Liaoning > Jilin > Heilongjiang. The proportion of high resistant germplasm in land races was higher than that in improved varieties (lines). The disease index is significantly negatively related to growth period. Based on the results of disease resistance and agronomic characters, 12 highly resistant soybean varieties (lines) were proposed, which could be used resistant parents for the soybean breeding program in northeast China.

Key words: *Glycine max* L.; Powdery mildew; Resistance evaluation

大豆白粉病是由真菌引起的一种大豆叶部病害。1921年在德国发现世界上首例大豆白粉病^[1],之后在美国^[2]、巴西^[3]、日本^[4]、澳大利亚^[5]、印度^[6]

和印度尼西亚^[7]等地相继出现,白粉病已成为世界性大豆病害。在大豆白粉病的抗性遗传方面, Grau 和 Laurence 研究认为大豆对白粉病的抗性受主效基因控制^[8]; Buzzell 等研究表明成株大豆对白粉病抗性由单一显性基因控制,并将该基因命名为 Rmd^[9]。目前的研究表明大豆对白粉病抗性反应都受一对基因调控^[10-11]。近年来,对大豆抗白粉病基因定位研究取得了重要进展,将来自 PI243540 的抗白粉病基因定位到 J 连锁群(16号染色体)上,位于 SNP 标记 BARC-021875-04228 和

收稿日期:2019-08-31

基金项目:国家重点研发计划(2016YFD0100201);吉林省农业科技创新工程重大项目(CXGC2017ZD014)

作者简介:胡刘涛(1992-),男,在读硕士,主要从事大豆分子育种研究。

通讯作者:王玉民,男,博士,研究员,E-mail: wangym@cjaas.com
董英山,男,博士,研究员,E-mail: ysdong@cjaas.com

SSR 标记 Sat_224 之间,遗传距离分别为 1.3 cM 和 9.6 cM^[12]。后续的研究均将大豆白粉病抗病基因定位于 J 连锁群^[13-14]。

我国首先在河北和贵州发现大豆白粉病^[15]。后来在广东^[16]、吉林^[17]和安徽^[18]等地也发现大豆白粉病。李穆等^[19]对南方七省 285 份大豆资源进行鉴定,评价出 161 份高抗白粉病大豆资源。Jiang 等^[20]通过高通量全基因组测序,将来自巴西大豆品种 BRSMG68 对白粉病抗性位点精确定位到 16 号染色体上 188.06-kb 区间,包含 28 个基因,其中 17 个为 R-like 基因,实时荧光定量 PCR 检测,结果表明 9 个 R-like 基因在抗病和感病双亲间存在差异表达。在东北大豆主产区未见有关抗白粉病大豆资源鉴定、抗病育种等方面研究报道。

本试验拟对东北地区大豆资源进行评价,筛选高抗白粉病大豆资源,为东北地区大豆抗白粉病育种提供优异亲本,为抗病基因定位和基因克隆提供基础材料。

1 材料与方 法

1.1 试验材料

供试的 331 份大豆种质资源由吉林省农业科学院大豆研究所收集提供,主要来源于东北地区,其中包括育成品种(系)134 份,地方品种 197 份(表 1)。

表 1 供试大豆种质资源来源分类

来源	数量	育成品种(系)	地方品种
黑龙江	118	61	57
吉林	146	55	91
辽宁	59	17	42
内蒙古	7	0	7
北京	1	1	0
总计	331	134	197

1.2 材料种植与人工接种

试验于 2018 年 9 月~11 月在吉林省农业科学院公主岭院区温室内进行,温室内放置取自当季试验田内发病植株。采用盆栽种植,每份材料种植 3 盆,每盆 5 株。当第一片 3 出复叶完全展开时,参照沈丽平^[21]的方法,用毛笔刷取病叶上的孢子,配制孢子悬浮液,进行人工辅助接种,病叶采集于公主岭大豆试验田。待充分发病后,进行发病情况调查。

1.3 病情分级和抗性鉴定标准

病情分级参照李穆等^[19]的 0~5 级分级标准,

0 级:叶片表面无白色粉末状病斑,无病害;1 级:叶面有少量病斑,病斑占叶面积少于 1/3;2 级:病斑占叶面积 1/3~2/3;3 级:病斑占叶面积 2/3 以上;4 级:病斑几乎布满整个叶片;5 级:病斑遍布整个叶片,黄化严重。病情指数及抗性划分参照彭化贤等^[22]和王莹等^[23]的方法,计算公式为:

$$DI = \frac{\sum(s \times n)}{N \times S} \times 100$$

其中,DI 为病情指数;s 为病情级别的代表数值;n 为病情级别的植株数,单位为株;N 为调查总株数,单位为株;S 为最高病情级别的代表数值。

将大豆对白粉病的抗性分 6 级,评价标准为:病情指数 0~5.0 为高抗(HR),5.1~15.0 为抗病(R),15.1~30.0 为中抗(MR),30.1~50.0 为中感(MS),50.1~70.0 为感病(S),70.1~100 为高感(HS)。

1.4 病情指数与农艺性状相关分析

对粒色、子叶色、粒形、生长习性、结荚习性、茸毛色、花色和叶形的赋值参考邱丽娟等^[24]的方法。采用 SPSS 17.0 软件进行相关分析。

2 结果与分析

2.1 大豆资源对白粉病抗性鉴定

在温室盆栽和人工辅助接种条件下,对 331 份栽培大豆资源进行了抗大豆白粉病鉴定,依据病情指数对抗性级别进行划分。从图 1 可以看出,在 331 份材料中有高抗资源 85 份,占 25.7%;抗病资源 20 份,占 6.0%;中抗资源 69 份,占 20.8%;中感资源 45 份,占 13.6%;感病资源 29 份,占 8.8%;高感资源 83 份,占 25.1%。

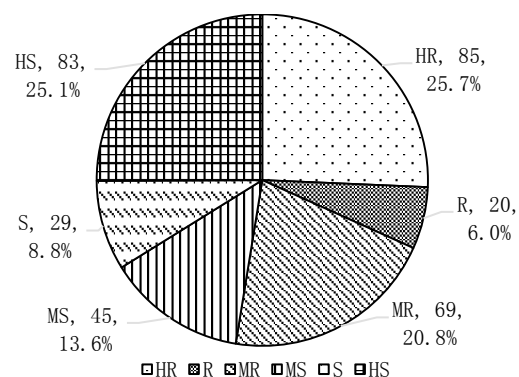


图 1 对大豆白粉病表现不同抗性资源数量及比例

2.2 不同省份资源对大豆白粉病的抗性比较

从表 2 可以看出,在评价的 331 份大豆资源中,来源于黑龙江省 118 份,有 19 份材料表现为高抗,占 16.1%;来源于吉林省 146 份,有 40 份材料

表2 不同省份来源大豆资源对白粉病抗性表现

来源	HR		R		MR		MS		S		HS	
	份数	比例(%)	份数	比例(%)	份数	比例(%)	份数	比例(%)	份数	比例(%)	份数	比例(%)
黑龙江	19	16.1	6	5.1	25	21.2	20	16.9	11	9.3	37	31.4
吉林	40	27.4	10	6.8	35	24.0	14	9.6	12	8.2	35	24.0
辽宁	22	37.3	3	5.1	6	10.2	11	18.6	6	10.2	11	18.6
内蒙古	3	42.9	1	14.3	3	42.9						
北京	1	100.0										
合计	85	25.7	20	6.0	69	20.9	45	13.6	29	8.8	83	25.1

表现为高抗,占27.4%;来源于辽宁省59份,有22份材料表现为高抗,占37.3%;来自内蒙古自治区7份,有3份资源表现为高抗,占42.9%;来自北京的1份资源表现为高抗。通过比较可以发现,来自黑龙江的材料高抗比例最低,来自吉林的材料居中,来自辽宁的材料最高,也就是说,对大豆白粉病高抗资源的比例,在东北地区从北向南有增高的趋势。由于来自内蒙古自治区和北京的资源样本量较小,本文未进行比较。

2.3 育成品种和地方品种抗性比较

由图2可知,在育成品种(系)中,高抗材料24

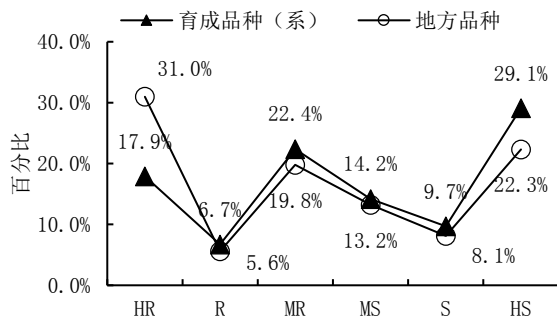


图2 东北地区大豆育成品种(系)和地方品种对大豆白粉病抗性

份,占17.9%;抗性材料9份,占6.7%;中抗材料30份,占22.4%;中感材料19份,占14.2%;感病材料13份,占9.7%;高感材料39份,占29.1%。在地方品种中,高抗材料61份,占31.0%;抗病材料11份,占5.6%;中抗材料39份,占19.8%;中感材料26份,占13.2%;感病材料16份,占8.1%;高感材料44份,占22.3%。从总体上看,地方品种中高抗大豆白粉病的资源比例更高,高抗资源更加丰富。

2.4 对白粉病抗性与农艺性状相关分析

对供试331份大豆资源生育期、粒色、子叶色、百粒重、粒形、生长习性、结荚习性、茸毛色、花色、株高、叶形等农艺性状进行调查,对这些材料的病情指数与农艺性状进行相关性分析(表3),发现病情指数与生育日数呈极显著负相关,相关系数为-0.178。进一步对来自不同省份的材料进行分析,发现来自黑龙江省的材料平均生育日数119.4 d,平均病指43.85;来自吉林省的材料平均生育日数123.4 d,平均病指34.45;来自辽宁省、内蒙古自治区和北京的材料平均生育日数128.4 d,平均病指30.09。

表3 病情指数与农艺性状相关性分析

性状	病指	生育日数	粒色	子叶色	百粒重	粒形	生长习性	结荚习性	茸毛色	花色	株高	叶形
病指	1											
生育日数	-0.178**	1										
粒色	0.025	0.149**	1									
子叶色	-0.018	0.086	0.245**	1								
百粒重	0.089	0.029	-0.143**	0.070	1							
粒形	-0.025	0.045	0.218**	0.069	-0.143**	1						
生长习性	-0.018	-0.065	0.146**	-0.023	-0.043	0.166**	1					
结荚习性	-0.091	-0.187**	0.019	-0.009	-0.111*	0.022	0.300**	1				
茸毛色	-0.075	0.169**	0.179**	0.054	-0.153**	0.176**	0.163**	-0.015	1			
花色	0.019	-0.008	0.074	0.009	-0.032	-0.047	0.022	0.089	0.131*	1		
株高	-0.048	0.109*	0.130*	0.108*	-0.119*	0.200**	0.093	-0.040	0.123*	-0.122*	1	
叶形	0.072	-0.044	0.214**	0.004	-0.071	0.232**	0.222**	0.120*	0.271**	0.118*	-0.009	1

注:“*”“**”“***”分别表示在0.05和0.01水平上差异显著

2.5 高抗大豆白粉病育种优良材料遴选

为了使筛选出的抗病资源能够尽快应用于抗白粉病育种,首先根据资源的抗病性,然后根据育种目标,最终选出直立、百粒重大于18 g、粒形为圆形或椭圆的高抗育成品种(系)12份,其中黑

龙江省材料4份,吉林省材料2份,辽宁省材料5份,北京材料1份(表4),这些材料综合农艺性状较好,可为东北地区大豆抗白粉病育种提供重要材料。

表4 高抗大豆白粉病、农艺性状较好的育成品种(系)

统一编号	品种名称	来源	生育日数 (d)	百粒重 (g)	粒形	结荚习性	茸毛色	花色	株高 (cm)	叶形
ZDD00359	九农4号	吉林市农业科学院	130	21	椭圆	亚	灰	白	64.5	椭圆
ZDD00364	九农9号	吉林市农业科学院	130	18.5	椭圆	亚	灰	白	75.6	披针
ZDD00737	铁丰5号	铁岭市农业科学院	133	18.5	圆	有	灰	白	75	椭圆
ZDD00740	铁丰18	铁岭市农业科学院	132	19	椭圆	有	灰	紫	90	椭圆
ZDD00743	丹豆2号	丹东市农业科学院	135	19	椭圆	有	灰	白	75	卵圆
ZDD06851	东农36号	东北农业大学	90	18.3	椭圆	无	棕	紫	46	椭圆
ZDD07648	辽豆3号	辽宁省农业科学院	132	18.9	圆	无	灰	紫	83	椭圆
ZDD07987	诱变30	中国科学院遗传与发育生物学研究所	146	20	圆	无	灰	紫	95.6	圆
ZDD17679	垦农2号	黑龙江省农业科学院绥化分院	110	21	圆	无	灰	紫	60	披针
ZDD17691	绥农7号	黑龙江省农业科学院绥化分院	120	20	圆	亚	灰	白	95	披针
ZDD18077	辽86-5453	辽宁省农业科学院	129	18.8	椭圆	无	灰	紫	107.3	椭圆
ZDD22644	绥农10	黑龙江省农业科学院绥化分院	120	21.5	圆	无	灰	白	110	披针

3 讨论

3.1 大豆抗白粉病鉴定评价方法

关于大豆抗白粉病鉴定的研究报道较少,还没有形成比较统一的鉴定方法。在进行大豆抗白粉病基因定位研究中,主要依据叶片上病斑的有无来判断抗感。李穆等^[19]对285份南方大豆进行了抗白粉病评价,主要参考付海宁等^[25]鉴定豌豆对白粉病抗性的方法和分级标准,为本研究提供了重要参考。本研究对东北地区大豆资源进行抗白粉病评价过程中,发现一些材料不同单株的发病级别不一致,并不能简单通过等级确定材料的抗性水平,为此,参照沈丽平^[21]鉴定黄瓜对白粉病抗性的方法,引入了病情指数,并参考彭化贤等^[22]和王莹等^[23]对辣椒进行抗白粉病鉴定的评价标准,将大豆对白粉病的抗性分为6个级别。但其分级标准与本研究所采用的分级标准存在较大差异。因此,为准确评价大豆资源对白粉病的抗性,应尽快研究制定统一的鉴定技术规范。

3.2 高抗白粉病大豆资源的分布特点

本研究对育成品种(系)134份和地方品种197份进行抗大豆白粉病鉴定,育成品种(系)中高抗资源的比例(17.9%)明显低于地方品种中高

抗资源的比例(31.0%),说明地方品种中抗源更加丰富。而在育种实践中,由于白粉病并不是东北地区大豆的主要病害,在育种材料及后代选择中并未考虑到对白粉病抗性,导致育成品种(系)中高抗资源比例有所下降。

在供试的331份东北大豆资源中,有85份资源对大豆白粉病表现高抗,占25.7%。其高抗资源所占的比例明显低于李穆等^[19]的研究结果,其高抗资源的比例高达56.5%。本研究发现东北地区不同省份高抗白粉病大豆资源的比例亦存在差异,黑龙江省最低,吉林省居中,辽宁省最高,表现出从北向南有增高的趋势。在对病情指数与农艺性状进行相关性分析,发现只有生育日数与病情指数呈极显著负相关(-0.178),即生育日数越长,病情指数越低,与不同省份高抗白粉病大豆资源比例的变化趋势相吻合。

4 结论

本研究对主要来自东北地区大豆资源331份进行了抗白粉病鉴定,评价出高抗大豆白粉病资源85份,综合抗病性和农艺性状分析,筛选出具有育种潜力的抗白粉病大豆品种(系)12份,可为东北春大豆抗白粉病育种提供重要抗源材料。

参考文献:

- [1] Wahl C V. Schädlinge an der Sojabohne[J]. Zeitschrift für Pflanzenkrankheiten, 1921, 31(5/8): 194–196.
- [2] Lehman S G. Powdery mildew of soybean[J]. J. Elisha Mitchell Sci. Soc., 1931, 37(6): 434.
- [3] Almeida Álvaro M R, Binneck E, Piuga F F, et al. Characterization of powdery mildews strains from soybean, bean, sunflower, and weeds in Brazil using rDNA-ITS sequences[J]. Tropical Plant Pathology, 2008, 33(1): 20–26.
- [4] Sawada H, Yamashita S, Doi Y, et al. Powdery mildew of soybean caused by *Erysiphe pisi*[J]. Annals of the Phytopathological Society of Japan, 1982, 48:136(Abstract).
- [5] McTaggart A R, Ryley M J, Shivas R G. First report of the powdery mildew *Erysiphe diffusa* on soybean in Australia[J]. Australasian Plant Disease Notes, 2012, 7(1):127–129.
- [6] Baiswar P, Chandra S, Ngachan S. Molecular evidence confirms presence of anamorph of *Erysiphe diffusa* on soybean (*Glycine max*) in northeast India[J]. Australasian Plant Disease Notes, 2016, 11(1):25.
- [7] Yulia E, Widiyanti F, Karuniawan A, et al. Resistance Potential to Powdery Mildew (*Microsphaera diffusa* Cooke and Peck) of Several Yellow and Black Soybean (*Glycine max* (L.) Merr.) Genotypes[J]. KnE Life Sciences, 2017, 2(6): 270–278.
- [8] Grau C R, Laurence J A. Observations on resistance and heritability of resistance to powdery mildew of soybean[J]. Plant Disease Reporter, 1975, 59(6):458–460.
- [9] Buzzell R I, Hass J H. Inheritance of adult plant resistance to powdery mildew in soybeans[J]. Canadian Journal of Genetics and Cytology, 1978, 20(1):151–153.
- [10] Mignucci J S, Lim S M. Powdery mildew (*Microsphaera diffusa*) development on soybeans with adult-plant resistance[J]. Phytopathology, 1980, 70(9):919–921.
- [11] Kang S T, Mian M A R. Powdery mildew resistance in soybean PI 243540 is controlled by a single dominant gene[J]. Canadian Journal of Plant Science, 2010, 90(6):939–942.
- [12] Kang S T, Mian M A R. Genetic map of the powdery mildew resistance gene in soybean PI 243540[J]. Genome, 2010, 53(5): 400–405.
- [13] Jun T H, Mian M A R, Kang S T, et al. Genetic mapping of the powdery mildew resistance gene in soybean PI567301B[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2012, 125(6): 1159–1168.
- [14] Wang Y, Shi A, Zhang B, et al. Mapping powdery mildew resistance gene in V97–3000 soybean[J]. Plant Breeding, 2013, 132(6):625–629.
- [15] 段丽霞. 贵州大豆白粉病调查研究初报[J]. 贵州农学院学报, 1982(1): 114–116.
- [16] 高翔, 陈晓兰, 潘汝谦, 等. 广东省新推广大豆品种病害的初步调查[J]. 植物保护, 2012, 38(2): 147–151, 174.
- [17] 柳建, 姜文涛, 安保宁, 等. 大豆白粉病病原菌鉴定[J]. 植物病理学报, 2015, 45(5): 548–551.
- [18] 陈金魁, 郑兆阳, 李静, 等. 安徽省大豆有害生物发生种类与综合防治技术[J]. 安徽农学通报, 2014, 20(5): 79–83.
- [19] 李穆, 刘念析, 岳岩磊, 等. 抗大豆白粉病南方栽培大豆种质资源的初步筛选[J]. 大豆科学, 2016, 35(2): 209–212, 221.
- [20] Jiang B, Li M, Cheng Y, et al. Genetic mapping of powdery mildew resistance genes in soybean by high-throughput genome-wide sequencing[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2019, 132(6): 1833–1845.
- [21] 沈丽平. 黄瓜白粉病抗性遗传分析及相关 QTL 初步定位[D]. 扬州:扬州大学, 2009.
- [22] 彭化贤, 刘波微, 李薇. 四川辣椒疫霉菌生物学特性和辣椒抗疫病菌性鉴定方法初探[J]. 云南农业大学学报, 2005(1): 140–144.
- [23] 王莹, 王姝, 赵玉桥, 等. 贵州省辣椒疫霉菌生物学特性和辣椒抗疫病菌性鉴定方法初探[J]. 湖北农业科学, 2014, 53(20): 4845–4847.
- [24] 邱丽娟, 曹永生, 常汝镇, 等. 中国大豆(*Glycine max*)核心种质构建 I. 取样方法研究[J]. 中国农业科学, 2003, 36(12): 1442–1449.
- [25] 付海宁, 孙素丽, 朱振东, 等. 加拿大豌豆品种(系)抗白粉病表型和基因型鉴定[J]. 植物遗传资源学报, 2014, 15(5): 1028–1033.

(责任编辑:刘洪霞)