DOI: 10.3724/SP.J.1006.2021.04111

山西省古交市大豆胞囊线虫新小种 X12 分布调查

练 云¹ 王金社¹ 魏 荷¹ 李金英¹ 弓贵明² 王树峰¹ 张晶鹏¹
李茂林¹ 郭建秋³ 卢为国^{1,*}

¹ 河南省农业科学院经济作物研究所 / 国家大豆改良中心郑州分中心 / 农业农村部黄淮海油料作物重点实验室 / 河南省油料作物遗传改良重点实验室, 河南郑州 450002; ² 古交市种子服务站, 山西太原 030200; ³ 洛阳农林科学院, 河南洛阳 471023

摘 要: X12 是具有超强致病力的大豆胞囊线虫(SCN)新小种, 于 2012 年在山西省古交市邢家社首次发现, 该小种对大豆生产有巨大威胁。定期调查 X12 生理小种分布, 对有目的地采取防治措施阻止 X12 小种扩散有重要意义。本研究于 2019—2020 年调查古交市土样, 利用 Riggs 模式鉴定生理小种, 绘制古交市 X12 生理小种分布图, 探讨其周围生理小种类型及分布规律。结果表明, 在采集的受 SCN 感染的 33 份样本中, 26 份鉴定出生理小种类型, 占采集样本的 78.8%; 2 号和 4 号生理小种在该地区分布广泛, 2 号小种检出频率为 57.7%; 4 号小种检出频率为 42.3%。4 号小种群体能够侵染优异抗源兴县灰皮支(ZDD2315)且胞囊指数(female index, FI)大于 10, 即被认定为 X12 小种, 在此次鉴定为 4 号小种的 11 份样本中, 有 2 份进一步鉴定为 X12 小种, 含重复采集 2012 年在邢家社发现的 X12 样本; 另有 3 份鉴定为 4 号小种的样本, 其 SCN 群体能在兴县灰皮支上寄生, 但 FI 未达到 10。这 26 份样本的 SCN 群体能在 Peking 和 PI88788 上寄生, 且 FI > 50 的分别占 73.1%和 57.7%。表明, 除邢家社发现有 X12 小种, 在河口镇也发现了 X12 小种; 在邢家社周围 810 km² 仅检测到 2 号和 4 号小种; 有 3 份样本的 SCN 群体有可能会优先由 4 号小种进化为 X12 小种。建议在古交市采取有力、有效措施减缓 SCN 的致病力升级及 X12 小种扩散。

关键词: 大豆; 大豆胞囊线虫; X12; 调查; 生理小种

Distribution survey of soybean cyst nematode of new race X12 in Gujiao city, Shanxi province

LIAN Yun¹, WANG Jin-She¹, WEI He¹, LI Jin-Ying¹, GONG Gui-Ming², WANG Shu-Feng¹, ZHANG Jing-Peng¹, LI Mao-Lin¹, GUO Jian-Qiu³, and LU Wei-Quo^{1,*}

¹ Institute of Industrial Crops, Henan Academy of Agricultural Sciences / Zhengzhou Subcenter of National Soybean Improvement Center / Key Laboratory of Oil Crops in Huanghuaihai Plain, Ministry of Agriculture and Rural Affairs / Henan Provincial Key Laboratory for Oil Crops Improvement, Zhengzhou 450002, Henan, China; ² Gujiao Seed Service Station, Taiyuan 030200, Shanxi, China; ³ Luoyang Academy of Agriculture and Forestry Sciences, Luoyang 471023, Henan, China

Abstract: X12 was a new race of soybean cyst nematode (SCN) with super strong pathogenicity and it was first detected in Xingjiashe county, Gujiao city, Shanxi province, China in 2012, which was a huge threat to soybean production. The research of race X12 distribution is meaningful for developing management strategies to prevent race X12 population from spreading. Therefore, a survey for the distribution of soybean cyst nematode race X12 in Gujiao city was conducted in 2019 and 2020. A distribution of races was constructed based on Riggs model. The race distribution was discussed in this study. A total of 33 soil samples infected soybean cyst nematode were collected. Twenty-six were identified as physiological subtypes, accounting for 78.8% of the samples, in which race 2 and race 4 accounted for 57.7% (15 samples) and 42.3% (11 samples), respectively. In general, race X12 was determined if race 4 population virulent on ZDD2315 accession with female index (FI) > 10. In 11 samples determined as race 4, including two samples were further determined as race X12 including the sample collected from Xingjiashe location, which was

本研究由河南省科技攻关项目(202102110158), 中原科技创新领军人才工程(194200510003)和国家自然科学基金项目(31901501)资助。This study was supported by the Scientific and Technological Project of Henan Province (202102110158), the Central Plains Science and Technology Innovation Leading Talent Project (194200510003), and the National Natural Science Foundation of China (31901501).

* 通信作者(Corresponding author): 卢为国, E-mail: 123bean@163.com

第一作者联系方式: E-mail: lianyun262@126.com

Received (收稿日期): 2020-05-18; Accepted (接受日期): 2020-09-13; Published online (网络出版日期): 2020-09-22.

URL: <https://kns.cnki.net/kcms/detail/11.1809.S.20200922.1134.004.html>

the original location detected as race X12 in 2012. There were three other SCN populations which determined as race 4 could virulent on ZDD2315 but with FI < 10. There were 73.1% and 57.7% of populations with FI > 50 among 26 evaluated populations on Peking and PI88788, respectively. The results showed that race X12 population were also detected in Hekouzhen except Xingjiashe. Only race 2 and race 4 were detected around Xingjiashe, covered 810 km². SCN populations with 3 samples were likely to preferentially evolve from subspecies 4 to subspecies X12. The results showed that strong and effective measures should be taken in Gujiao city to slow down the virulence escalation of SCN and the spread of X12 species.

Keywords: soybean; soybean cyst nematode; X12; survey; physiological race

大豆胞囊线虫(soybean cyst nematode, SCN)病是一种世界性大豆病害, 常年给全球大豆生产造成数十亿美元的经济损失^[1-2]。在前期调查研究中, 我们发现了具有超强致病力的大豆胞囊线虫新生理小种X12^[3] (生理小种, 以下简称小种), 该小种的出现给大豆生产造成巨大威胁。调查X12小种分布及周围生理小种类型, 是有目的地采取策略控制该病害发展的先决条件。

在中国两大大豆主产区——东北大豆产区和黄淮海大豆产区均有大豆胞囊线虫分布。前期调查研究发现, 在黄淮海大豆产区, 约有 70%的地区分布有大豆胞囊线虫, 4 号生理小种主要集中在山西省; 据 2012—2015 年调查结果发现, 山西省主要分布有 2 号和 4 号生理小种, 该小种在山西省的检出频率分别为 38.5%和 38.5%^[4]。

对大豆胞囊线虫生理小种分类目前常采用的方法有 2 种: Riggs 和 Schmitt^[5]于 1988 年建立的将大豆胞囊线虫划分为 16 个小种模式, 以及 Niblack 等^[6]在 2002 年建立的将大豆胞囊线虫划分为 128 个小种的“HG 类型”模式, 其目的均是通过鉴别寄主区分致病力不同的线虫群体。2 种划分方法各有其适宜的使用范畴, 而从抗病育种目标出发, 大豆抗病育种专家认为划分过细很容易给育种带来困惑, 同时, 为了便于同前期调查结果进行对比, 在中国, 相关研究专家仍采用 Riggs 鉴别模式。因此, 本研究也主要采用 Riggs 鉴别模式对采取的土样进行生理小种鉴定。而随着致病性超强的 X12 小种出现, 以上 2 种鉴别模式所采用的寄主已不能有效将新生理小种从目前小种中区分开, 因此在生理小种鉴定中, 我们增加了一个鉴别寄主——兴县灰皮支, 用于从 4 号小种中区分 X12 小种。

国内外目前所用主要抗原对大豆胞囊线虫新小种X12均表现感病或高感^[3]。这些抗原包括Riggs鉴别模式中的4个鉴别寄主^[5], HG鉴别模式中的7个鉴别寄主^[6], 中国的优异抗原兴县灰皮支(ZDD2315)^[7-8]和美国目前在用的重要抗原PI437654以及用这2个抗原培育的抗病品种中黄57^[3], 抗LY1

线虫群体的PI567516C^[9]。在抵御由SCN给大豆生产带来严重经济损失的策略中, 培育抗病品种最经济、有效, 然而目前缺乏抗原, 暂时限制了抗X12小种的抗病品种培育。因此, 采取轮作、化学杀虫剂等手段对该地区SCN进行防控尤为重要。

纵观 SCN 在全球范围大豆产区的危害趋势, 越来越多调查数据表明, SCN 致病力正在升级且 SCN 扩散范围仍在增大。SCN 1 号小种仅能够侵染 Riggs 鉴别模式中的寄主 PI88788, 2 号小种能够侵染 Peking、Pickett 和 PI88788 共 3 个寄主, 已有研究表明, 在中国黄淮海大豆产区及美国密苏里州大豆产区, 优势生理小种均由 1 号小种^[10-11]演变为 2 号小种^[4,12], 说明在以上 2 个大豆产区分布的生理小种, 其致病性已经增强。2005 年调查发现, 在美国伊利诺伊州, 83%大豆田感染了大豆胞囊线虫病, 其中 70%感染田块的线虫能够寄生于 PI88788, 导致在该州使用现有抗性品种作为防治 SCN 手段的有效性显著降低^[13]。随后, 在其他产区也逐渐发现线虫群体克服 PI88788 抗性, 导致在 PI88788 上的胞囊指数 (female index, FI) 升高^[14-15]。在中国, SCN 已经扩散到新疆、广西、贵州等以前未受 SCN 侵染的大豆种植区^[16-17]; 而在美国, SCN 几乎遍及所有种植大豆产区^[14]。

SCN 是一种土传病害, 一旦大豆种植区受到侵染, 极难根除。尽管目前国内尚未有官方数据统计每年 SCN 给中国大豆生产带来的经济损失, 但在前期调查过程中已经发现, 在受到严重感染大豆产区, 有“火烧苗”现象, 比如此次调查的古交市。建议采取主动措施对 SCN 进行防治, 避免发展到大豆大面积绝产、损失不可挽回时, 再考虑防治或重视抗病品种培育或进行抗病品种的推广应用。

据 2012—2015 年调查研究结果^[4]发现, 山西省是国内大豆胞囊线虫感染最严重的地区, 因为致病力最强的 4 号小种主要分布在山西省, X12 就是在此次调查研究过程中于山西省古交市邢家社乡采集的。2012—2015 年在古交市仅取此 1 份土样, 难以反映 X12 小种发现地点周围生理小种分布情况; 其

次, X12 小种在该市其他田块是否也有分布以及是否有扩散现象, 是本研究关注的另一问题。本研究拟在前期调查研究的基础上, 以邢家社为中心, 在古交市大豆种植区域密集采取土样, 调查 X12 小种周围生理小种分布规律, 明确优势小种和 X12 小种的分布, 以期防治 X12 小种扩散提供依据。

1 材料与方法

1.1 供试材料

Riggs 模式鉴别寄主^[5] (Lee、Peking、Pickett、PI88788 和 PI90763)和兴县灰皮支由河南省农业科学院经济作物研究所大豆课题组保存。

1.2 土样采集

于 2019 年大豆生长期, 在山西省古交市调查大豆胞囊线虫分布情况, 在有大豆胞囊线虫感染地块取土样 33 份, 覆盖 7 个乡镇, 共 33 个村庄, 面积 810 km²。取土依据是在根系上能看到胞囊或地上部分植株出现明显矮化和失绿, 采集病株周围 3~8 cm 深的土层, 每份土样 20~30 kg。采集路线沿山内屯兰川、原平川、大川和北梁 4 条主干道开展。采集的样本用塑料袋封住后, 物流到河南省农业科学院, 保存在 16 病土储存室, 直至需要检测时取出。

1.3 生理小种鉴定

参考练云等^[4]方法, 略有改动, 简述之: (1)鉴定方式。所有采集的土样, 直接在温室利用 Riggs 模式鉴定。对于在 Lee 上胞囊数目少于 100 个胞囊/株的土样, 种植混合的 Lee、Essex 和郑 1307 扩繁 1~2 代胞囊后再通过接种进行生理小种鉴定。(2)胞囊繁殖。将子叶出土期的感病幼苗移栽至病土中, 每杯 1 株, 温室培养, 约 25 d 后, 采用淘洗-过筛法将胞囊从根系上分离, 用橡皮擦轻轻研磨, 破碎胞囊, 然后将释放出来的卵用清水悬浮, 取 10 μL 在显微镜下计数虫卵密度, 备用于接种鉴定。(3)接种方法。将壤土在 150 °C 烘干 1.5 h, 分装在塑料杯中, 移栽子叶出土期且生长一致的 4 个鉴别寄主及 Lee、兴县灰皮支, 每杯 1 株, 5 个重复, 待长出新根后, 每杯接含 2500 个卵的悬浮液。25 d 左右、胞囊处于显囊盛期时, 计数根部胞囊数目。

1.4 胞囊计数

将胞囊通过淘洗-过筛法从根系中分离, 利用荧光显微镜拍照, 结合本课题自主研发的 PDS 软件, 通过计算机扫描自动计数大豆胞囊数目, 具体方法见专利 2014SR060158^[18]。

1.5 数据分析及小种分布图绘制

Lee 上平均胞囊数目大于 100, 认定此次试验数据有效, 否则扩繁该土样中的胞囊, 进行接种鉴定, 如果 Lee 上平均胞囊数目仍然达不到要求, 舍弃该样本, 根据 Riggs 模式判别生理小种类型。FI = (待鉴定植株根系上平均胞囊数目×100/Lee 根系上平均胞囊数目)。检出频率 = (属某一种生理小种的样本数目/鉴定出生理小种类型的所有样本数目)×100%。

将各采样点鉴定出的小种类型, 利用统计分析软件 R 的 Maptools 包^[19]绘制生理小种分布图。

2 结果与分析

在采集的 33 份病土中, 共有 26 份鉴定出生理小种类型, 其中 15 份直接利用采集的病土鉴定出生理小种类型, 另 18 份经繁殖 1~2 代后, 通过接种进行鉴定, 其中 11 份鉴定出生理小种类型, 7 份由于未繁殖出足够用于鉴定的胞囊, 故舍弃。古交市生理小种分布见图 1。

图中所有彩色符号及灰色空心圆圈反映了受 SCN 感染的地块。15 份样本鉴定为 2 号小种, 检出频率是 57.7%; 11 份样本鉴定为 4 号生理小种, 检出频率是 42.3% (表 1); 2 号和 4 号小种交叉分布。在鉴定为 4 号生理小种的样本中, 有 2 个样本进一步鉴定为 X12 小种, 其中一份来自最初发现 X12 的采集地点——古交市邢家社, 在图中用红色实心三角形 1 表示, 另一份样本来自古交市河口镇, 在图中用红色实心三角形 2 表示, 这 2 个被检测为 X12 的样本, 在空间上有一定距离, 而且中间交叉分布有 2 号和 4 号小种, 可以排除古交市河口镇的 X12 小种由古交市邢家社样本感染所致; 在鉴定为 4 号生理小种的样本中, 有 3 份在兴县灰皮支上的胞囊数分别为 20 (FI=7.6)、46 (FI=9.6)和 16 (FI=6.4), 在黄淮海生理小种鉴定中, 在兴县灰皮支上生长的胞囊数目一般在 0~6 个/株⁻¹, 而且 0 个/株⁻¹的占多数。这 3 份土样有可能会优先发展为 X12 小种。

鉴定出生理小种类型的所有 26 份 SCN 群体, 均能够侵染 PI88788。PI88788 的抗性基因是目前 SCN 抗性大豆品种的主要抗性来源, 说明 SCN 群体在 PI88788 上的致病力已经增强, 这种现象在美国中北部和中国东北也有报道: 据 2005 年调查结果发现, 在美国伊利诺伊州, 83%大豆田感染了大豆胞囊线虫病, 其中 70%感染田块的线虫能够寄生在 PI88788 的根系上, 导致在该州使用现有抗性品种

图 1 古交市大豆胞囊线虫新小种 X12 分布图(2019–2020 年调查)
Fig. 1 Race distribution of soybean cyst nematode of new race X12 in Gujiào city (surveyed in 2019 and 2020)
N: 受大豆胞囊线虫感染但未鉴定出结果的样本; R2: 2 号生理小种; R4: 4 号生理小种; X12: X12 新小种。红实心三角形 1 代表最初发现 X12 小种的地点; 红实心三角形 2 代表本次调查新发现 X12 小种的地点; 较大的蓝实心圆形代表有可能会优先由 4 号小种进化为 X12 小种的地点。
N: samples infected with SCN but without identification results; R2: race 2; R4: race 4; X12: race X12. Red solid triangle 1 stands for the original race X12 discovery location; red solid triangle 2 stands for determined as race X12 location according to this survey; the bigger blue solid circle stands for race 4 with potential prior determined as race X12 in the future.

表 1 采集自古交市 26 份样本的生理小种类型鉴定(2019–2020 年)
Table 1 Virulence phenotypes of twenty-six samples collected from Gujiào city in 2019 and 2020

小种类型 ^a Race ^a (%)	编号 Number	Lee 上胞囊 ^b Cysts on Lee ^b	胞囊指数 Female index				
			Pickett	Peking	PI88788 (MU)	PI90763	ZDD2315
2 号小种(57.7) Race 2 (57.7)	1	95	98.9	270.7	85.1	1.9	1.1
	4	698	94.8	83.3	26.1	0.5	4.1
	6	543	38.9	30.6	33.4	6.4	0.1
	8	170	39.6	80.3	91.2	1.4	0.4
	9	217	48.0	22.8	26.1	5.1	1.2
	11	129	37.7	28.0	84.6	2.7	1.8
	12	284	61.7	100.4	58.9	0.5	1.3
	16	242	81.1	59.9	60.6	0.2	0.1
	18	379	80.9	75.5	31.2	2.6	1.2
	19	80	102.4	83.9	63.6	4.2	1.8
	20	64	66.7	42.3	40.4	1.3	0.4
	24	509	86.4	63.8	98.1	0.4	0.2
	25	404	100.7	87.3	69.0	4.5	0.2
	29	336	58.7	102.5	32.6	1.0	0.2
	31	547	68.3	77.8	87.4	3.7	0.1
X12 小种 ^c (7.7) Race X12 ^c (7.7)	1	438	67.6	73.7	36.0	38.0	32.4
	2	520	93.3	79.8	84.7	94.1	10.7

(续表 1)

小种类型 ^a Race ^a (%)	编号 Number	Lee 上胞囊 ^b Cysts on Lee ^b	胞囊指数 Female index				
			Pickett	Peking	PI88788 (MU)	PI90763	ZDD2315
潜在的 X12 小种(11.5) Potential race X12 (11.5)	5	258.6	173.9	86.1	69.8	39.0	7.6
	21	479	102.7	80.5	61.0	13.6	9.6
	27	249	69.3	62.9	32.3	12.2	6.4
4 号小种(23.1) Race 4 (23.1)	10	298	91.6	61.5	55.6	15.2	1.1
	14	550	37.2	69.5	73.3	17.7	0.4
	17	706	86.2	77.2	82.1	72.7	0.8
	26	815	84.7	82.9	55.2	12.2	0.1
	28	251	53.3	147.5	75.6	16.0	1.8
	33	633	91.5	90.8	73.5	34.7	0.4

^a 检出频率, 即某个生理小种占鉴定出生理小种类型所有样本的比例。 ^b Lee 上的平均胞囊数目(个)。 ^c 利用 Riggs 模式鉴定, 是 4 号小种。

^a The percentage of soybean cyst nematode populations designated as a particular race in all the samples identified races type surveyed in 2019 and 2020. ^b The average cysts on Lee. ^c Race 4 identified using Riggs model.

作为防治 SCN 手段的有效性显著降低^[20]; 随后, 在美国其他大豆产区如密苏里州也逐渐发现有部分线虫群体克服 PI88788 抗性, 导致在 PI88788 上寄生的 SCN 胞囊指数升高^[11]; 在中国东北大豆产区, 利用单胞囊繁殖法, 从 HG type 0 的 SCN 群体种分离出 HG type 1.2.3.5.6.7、HG type 2.5.7 及 HG type 1.3^[21]。另外, 在本研究中, 所有这 26 份 SCN 群体均能够侵染 Peking 和 Pickett, 34.6%的 SCN 群体能够侵染寄主 PI90763, 表明需要慎重连续多年在同一田块使用抗性基因来自这些抗源的大豆品种, 建议注重同非寄主作物轮作并且重视使用来自其他抗源的抗性品种。

依据以上鉴定结果, 每种类型群体各选择 1 个

生理小种群体, 利用 HG type 做进一步鉴定表明, 古交市存在 1.2.5.6.7 (2 号小种)、1.2.3.5.6.7 (4 号和潜在优先发展为 X12 的小种)及 1.2.3.4.5.6.7 (X12 小种), 见表 2。本研究结果也反映了现有的 HG type 不能区分开 4 号小种和潜在优先发展为 X12 小种群体。依据现有 SCN 群体, 尤其是 X12 小种的出现, 需要形成新的大豆胞囊线虫生理小种鉴定模式。

3 讨论

3.1 大豆胞囊线虫生理小种鉴别模式选择

目前对大豆胞囊线虫生理小种类型鉴别, 是利用不同鉴别寄主以区分致病力不同的线虫群体, 常用的方法有 2 个, 分别为 Riggs 和 Schmitt^[5]采用 4

表 2 利用 HG type 模式鉴定采集自古交市不同生理小种类型的样本(2019–2020 年)
Table 2 Samples of different physiological subtypes collected from GuJiao city with HG type in 2019 and 2020

项目	寄主	编号 Number			
Item	Host	16	14	21	30
	Lee 上胞囊数 Number of cysts on Lee	482.7	156.0	787.0	340.7
胞囊指数 Female index	Peking	45.5	69.7	65.9	79.8
	PI88788	53.0	105.6	61.2	76.1
	PI90763	3.5	18.2	14.4	12.7
	PI437654	2.3	3.6	0.8	105.0
	PI209332	15.8	50.3	14.4	87.4
	PI89772	44.7	102.4	21.3	141.1
	PI548316	70.0	81.8	12.5	161.7
小种类型 Race	Race model	Race 2	Race 4	Potential X12	Race X12
	HG type	1.2.5.6.7	1.2.3.5.6.7	1.2.3.5.6.7	1.2.3.4.5.6.7

个鉴别寄主建立的 16 个小种模式(Race 模式), Niblack 等^[6]采用 7 个鉴别寄主建立的 128 个小种模式(HG type 模式)。后一种方法将小种划分得更细。基于 2 种划分方法适宜的使用范畴, 本研究是从抗病育种目标出发, 同 2012—2015 年调查时一样, 仍认为小种不宜划分过细, 据已有研究结果表明, 线虫分布较为复杂, 划分过细容易给抗病品种选育及采取防御措施带来困惑。同时, 为了便于同国内已有研究结果进行对比分析, 本研究仍然选择使用 Riggs 鉴别模式对大豆胞囊线虫新小种 X12 分布进行研究。为了进一步从 4 号小种中鉴定出 X12 小种, 在鉴别模式中, 本研究增加了国内优异抗源兴县灰皮支。

3.2 大豆胞囊线虫新小种 X12 分布及最初发现地点周围的生理小种分布概况

本研究是在前期调查研究的基础上, 对大豆胞囊线虫 X12 首次发现地点——古交市邢家社周围生理小种分布做进一步调查研究。在调查中, 途经每一个村庄的大豆或其他豆科作物田块, 均能在植物根系上看到胞囊, 表明古交市田间受大豆胞囊线虫侵染严重, 这与 2012—2015 年调查显示山西省感染 SCN 严重的结果相符。此次共采集病土 33 份, 其中 26 份鉴定出生理小种类型。由于 X12 是我们首次发现的具有超强致病力新小种, 因此, 为了进一步了解 X12 小种的分布, 本次调查以邢家社为中心, 开展了更为密集的取样, 研究结果比较系统地反映了 X12 首次发现地点周围生理小种分布的概况, 每份土样附有精确的经纬度记录, 这为今后进行周期监控研究奠定了基础。从本次调查结果来看, 古交市大豆胞囊线虫发生普遍, 2 号和 4 号小种分别占 57.7%和 42.3%, 除 2 份 4 号小种被进一步鉴定为 X12 外, 未检测到其他类型的生理小种。在邢家社采集的样本本次鉴定结果仍是 X12, 在生理小种分布图中标为 1; 另一个鉴定为 X12 的是在古交市河口镇采集的样本, 在生理小种分布图中标记为 2 (图 1); 另外有 3 个样本, 其线虫群体可以在兴县灰皮支上寄生, 但尚未使兴县灰皮支达到感病水平, 这 3 个样本的采集地点在生理小种分布图中分别标记为 5、21、27, 推测这 3 个采集地点 SCN 群体有可能会优先发展为 X12 小种。以上研究结果表明, 在不同地点发现了 X12 群体; 在 X12 周围仅存在 2 号、4 号小种; 发现 3 份能在兴县灰皮支上寄生的 4 号 SCN 群体, 但是尚未达到感病水平。

在这 26 份鉴定出生理小种类型的样本中, 其 SCN 群体均能在 Peking、Pickett 和 PI88788 上成功寄生。而且在 Peking 和 PI88788 寄生的 FI 大于 50 的 SCN 群体分别占 73.1%和 57.7%, Peking 和 PI88788 是目前被美国广泛利用的抗源^[22]。另外, 在 PI88788 上的 FI 高的样本并不局限于土壤中胞囊虫卵浓度大的样本, 在 11 份通过扩繁胞囊并接种鉴定出生理小种类型的样本中, 其 SCN 群体在 PI88788 上的 FI 范围为 26~85。据分析, 田间 SCN 群体在 PI88788 和 Peking 上寄生指数的增高, 是由于抗性来自 PI88788 的有限抗性品种的重复利用^[12,23-24]。但就我们所知, 目前利用 PI88788 抗源培育的抗病品种尚未在山西推广应用。

3.3 在山西省出现超强致病力大豆胞囊线虫新小种 X12 的原因分析

多年来, 山西省一直是感染大豆胞囊线虫最严重的省份, 所以, 目前国内很多优异抗源也来自山西省。但是致病性较强的 4 号小种集中分布在山西省^[4]以及 X12 小种在古交市被发现的原因, 尚不明确。本研究做如下推测: 首先, 土质适宜。2012—2015 年调查研究结果表明, 能鉴定出生理小种的土样集中分布在山西省、河北省和河南黄河沿岸, 这些属于沙性土壤的地区, 推测是沙性土质适宜大豆胞囊线虫滋生。其次, 气候适宜。山西省的气候适宜线虫繁殖, 古交市属于山区, 常年在 7 月份均温 23℃, 平均年降水量 428.60 mm, 这正是胞囊繁殖的季节。因而线虫群体通过内部多代杂交, 从而提高了其致病能力。第三, 在山西省, 目前尚缺乏抗病品种的推广应用, 是生理小种致病性增强的另一个原因。

3.4 古交市大豆胞囊线虫生理小种分布特点及其对育种工作的启示

本研究结果表明, 在古交市仅检测到了 2 号、4 号和 X12 生理小种, 再次表明大豆胞囊线虫分布有一定的区域性^[4,10]。鉴于 X12 小种的超强致病能力, 目前又没有相应的抗源, 暂时限制了针对 X12 小种大豆抗病品种培育工作的开展。为缓解由 X12 小种扩散带来的经济损失, 建议从以下 4 个方面开展防御工作: (1) 培育多抗品种。鉴于生理小种的交叉分布特点, 培育兼抗 2 个或 2 个以上生理小种的大豆品种, 在古交市推广应用; (2) 加速抗源筛选。可通过扩大抗源筛选范围, 比如从大豆资源之外的其他豆科作物、野生豆中进行抗源筛选, 克隆抗病基因, 为培

育抵御 X12 小种的大豆抗病品种提供资源; (3) 依据当地政府力量, 引导农户采取与非豆科作物轮作, 适当采用化学剂杀虫对线虫进行毒杀, 即便付出更高的经济代价, 也要对已经发展为 X12 或会优先发展为 X12 的群体的田块进行防治, 以限制 X12 群体致病性的进一步升级和扩散; (4) 定期调查古交市 SCN 生理小种分布。

4 结论

古交市大豆胞囊线虫分布广泛、田间受害严重。经调查所有田块均有大豆胞囊线虫分布; 本次调查研究发现, 在 X12 首次发现地点邢家社周围集中分布有 2 号和 4 号小种, 此次调查在河口镇也发现了 X12 小种群体, 且有 3 个地点的 SCN 群体有可能会优先发展为 X12 小种; 当前应采取强有力的轮作措施或使用化学杀虫剂方案, 限制 X12 小种的扩散。

References

- [1] Allen T W, Bradley C A, Sisson A J, Byamukama E, Chilvers M I, Coker C M, Collins A A, Damicone J P, Dorrance A E, Dufault N S, Esker P D, Faske T R, Giesler L J, Grybauskas A P, Hershman D E, Hollier C A, Isakeit T, Jardine D J, Kelly H M, Kemeraite R C, Kleczewski N M, Koenning S R, Kurle J E, Malvick D K, Markell S G, Mehl H L, Mueller D S, Mueller J D, Mulrooney R P, Nelson B D, Newman M A, Osborne L, Overstreet C, Padgett G B, Phipps P M, Price P P, Sikora E J, Smith D L, Spurlock T N, Tande C A, Tenuta A U, Wise K A, Wrather J A. Soybean yield loss estimates due to diseases in the United States and Ontario, Canada, from 2010 to 2014. *Plant Health Prog*, 2017, 18: 19–27.
- [2] Koenning S R, Wrather J A. Suppression of soybean yield potential in the continental United States by plant diseases from 2006 to 2009. *Plant Health Prog*, 2010. doi: org/10.1094/PHP-2010-1122-01-RS.
- [3] Lian Y, Guo J Q, Li H C, Wu Y K, Wei H, Wang J S, Li J Y, Lu W G. A new race (X12) of soybean cyst nematode in China. *J Nematol*, 2017, 49: 321–326.
- [4] 练云, 王金社, 李海朝, 魏荷, 李金英, 武永康, 雷晨芳, 张辉, 王树峰, 郭建秋, 李月霞, 李志辉, 靳巧玲, 徐淑霞, 张志民, 杨采云, 于会勇, 耿臻, 舒文涛, 卢为国. 黄淮大豆主产区大豆胞囊线虫生理小种分布调查. *作物学报*, 2016, 42: 1479–1486.
Lian Y, Wang J S, Li H C, Wei H, Li J Y, Wu Y K, Lei C F, Zhang H, Wang S F, Guo J Q, Li Y X, Li Z H, Jin Q L, Xu S X, Zhang Z M, Yang C Y, Yu H Y, Geng Z, Shu W T, Lu W G. Race distribution of soybean cyst nematode in the main soybean producing area of Huang-Huai Rivers valley. *Acta Agron Sin*, 2016, 42: 1479–1486 (in Chinese with English abstract).
- [5] Riggs R D, Schmitt D P. Complete characterization of the race scheme for *Heterodera glycines*. *J Nematol*, 1988, 20: 392–395.
- [6] Niblack T L, Arelli P R, Noel G R, Opperman C H, Orf J H, Schmitt D P, Shannon J G, Tylka G L. A revised classification scheme for genetically diverse populations of *Heterodera glycines*. *J Nematol*, 2002, 34: 279–288.
- [7] 林汉明, 常汝镇, 邵桂花, 刘忠堂. 中国大豆耐逆研究. 北京: 中国农业出版社, 2009. pp 155–158.
Lin H M, Chang R Z, Shao G H, Liu Z T. Research on Tolerance to Stresses in Chinese Soybean. Beijing: China Agriculture Press, 2009. pp 155–158 (in Chinese).
- [8] 大豆种质抗胞囊线虫鉴定协作组. 大豆种质资源对大豆胞囊线虫 1、3 和 4 号生理小种的抗性鉴定. *大豆科学*, 1993, 12(2): 91–99.
Identification cooperation group of soybean germplasms with resistance to soybean cyst nematode. Resistance evaluation of soybean germplasm to race 1, 3 and 4 of soybean cyst nematode (*Heterodera glycines*). *Soybean Sci*, 1993, 12(2): 91–99 (in Chinese with English abstract).
- [9] Kadama S, Vunoga T D, Qiua D, Meinhardt C G, Song L, Deshmukh R, Patil G, Wan J, Valliyodan B, Scaboo A M, Shannon J G, Nguyen H T. Genomic-assisted phylogenetic analysis and marker development for next generation soybean cyst nematode resistance breeding. *Plant Sci*, 2016, 242: 342–350.
- [10] 卢为国, 盖钧铭, 李卫东. 黄淮地区大豆胞囊线虫生理小种的抽样调查与研究. *中国农业科学*, 2006, 39: 306–312.
Lu W G, Gai J Y, Li W D. Sampling survey and identification of races of soybean cyst nematode (*Heterodera glycines* Ichinohe) in Huang-Huai valleys. *Sci Agric Sin*, 2006, 39: 306–312 (in Chinese with English abstract).
- [11] Mitchum M G, Wrather J A, Heinz R D, Shannon J G, Danekas G. Variability in distribution and virulence phenotypes of *Heterodera glycines* in Missouri during 2005. *Plant Dis*, 2007, 91: 1473–1476.
- [12] Howland A, Monnig N, Mathesius J, Nathan M, Mitchum M G. Survey of *Heterodera glycines* population densities and virulence phenotypes during 2015–2016 in Missouri. *Plant Dis*, 2018, 102: 2407–2410.
- [13] Niblack T L, Colgrove K B, Colgrove A C. Soybean cyst nematode in Illinois from 1990 to 2006: shift in virulence phenotype of field populations. *J Nematol*, 2006, 38: 285.
- [14] Tylka G L, Marrett C C. Distribution of the soybean cyst nematode, *Heterodera glycines*, in the United States and Canada: 1954–2014. *Plant Health Prog*, 2014, 15: 13–15.
- [15] Mitchum M G. Soybean resistance to the soybean cyst nematode *Heterodera glycines*: an update. *Phytopathology*, 2016, 106: 1444–1450.
- [16] Peng D L, Peng H, Wu D Q, Huang W, Cui J K. First report of soybean cyst nematode (*Heterodera glycines*) on soybean from Gansu and Ningxia China. *Plant Dis*, 2015, 100: 229.
- [17] Wang D, Duan Y X, Wang Y Y, Zhu X F, Chen L J, Liu X Y. First report of soybean cyst nematode, *Heterodera glycines*, on soybean from Guangxi, Guizhou, and Jiangxi provinces, China. *Plant Dis*, 2015, 99: 893.
- [18] 王金社, 卢为国, 李金英, 练云, 魏荷, 李海朝, 雷晨芳. 植物病虫害表型数据采集系统. 专利号: 2014SR060158, 中国, 2014.
Wang J S, Lu W G, Li J Y, Lian Y, Wei H, Li H C, Lei C F. The data acquisition system on the phenotype of plant

- diseases and insect pests. Patent number: 2014SR060158, China, 2014 (in Chinese).
- [19] The R Core Team. R: a Language and Environment for Statistical Computing. R Foundation for Statistical Computing. Vienna, Austria, 2005. <https://cran.r-project.org/doc/manuals/fullrefman.pdf>.
- [20] Niblack T L, Colgrove A L, Colgrove K, Bond J P. Shift in virulence of soybean cyst nematode is associated with use of resistance from PI88788. *Plant Health Prog*, 2008, 29. doi: org/10.1094/PHP-2008-0118-01-RS
- [21] Hua C, Li C, Hu Y, Mao Y, You J, Wang M, Chen J, Tian Z, Wang C. Identification of HG types of soybean cyst nematode *Heterodera glycines* and resistance screening on soybean genotypes in Northeast China. *J Nematol*, 2018, 50: 41–50.
- [22] Concibido V C, Diers B W, Arelli P R. A decade of QTL mapping for cyst nematode resistance in soybean. *Crop Sci*, 2004, 44: 1121–1131.
- [23] McCarville M T, Marett C C, Mullaney M P, Gebhart G D, Tylka G L. Increase in soybean cyst nematode virulence and reproduction on resistant soybean varieties in Iowa from 2001 to 2015 and the effects on soybean yields. *Plant Health Prog*, 2017, 18: 146–155.
- [24] Gardner M, Heinz R, Wang J, Mitchum M G. Genetics and adaptation of soybean cyst nematode to broad spectrum soybean resistance. *G3: Genes Genom Genet*, 2017, 7: 835–841.