

# 马铃薯晚疫病抗性基因 *R8* 分子标记检测与田间抗性评价

娄树宝<sup>1,2</sup> 杨梦平<sup>1</sup> 邢金月<sup>1</sup> 翟玲侠<sup>1</sup> 王辉<sup>1</sup> 刘春生<sup>1</sup> 王立春<sup>1</sup> 宋继玲<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>黑龙江省农业科学院克山分院/国家马铃薯种质资源试管苗库(克山), 161005, 黑龙江齐齐哈尔;

<sup>2</sup>青海大学农林科学院, 810016, 青海西宁)

**摘要** 马铃薯是重要的粮食作物, 在全球粮食安全中发挥着重要作用。由致病疫霉 (*Phytophthora infestans*) 引起的晚疫病是马铃薯生产上最具危害性的病害之一, 种植广谱和持久抗病马铃薯品种是防治晚疫病最经济、有效和绿色的方法。本研究利用特异性分子标记对 102 份资源进行 *R8* 基因检测, 结合田间晚疫病抗性鉴定, 筛选出 84 份表现抗病并且含有 *R8* 基因的马铃薯材料, 为选育抗病品种提供丰富的资源材料; 根据分子标记与田间抗性鉴定结果, 分子标记抗性符合度为 84.8%, 因此 *R8* 分子标记可以用于分子标记辅助选择。

**关键词** 马铃薯; 晚疫病; 分子标记; 田间抗性

马铃薯是世界第三大粮食作物, 仅次于小麦和水稻<sup>[1]</sup>。目前, 全球有 160 多个国家和地区种植马铃薯, 我国马铃薯种植面积和总产量均居世界首位, 但单产并没有达到世界平均水平。造成马铃薯减产的原因有很多, 其中最严重、最具毁灭性的病害是晚疫病, 由致病疫霉 (*Phytophthora infestans*) 引起的晚疫病是马铃薯生产上最严重的病害之一, 在世界上绝大多数马铃薯种植区广泛传播。马铃薯晚疫病主要危害茎、叶和块茎, 导致植株枯死和块茎腐烂<sup>[2]</sup>。我国马铃薯晚疫病每年发病面积约 260 万  $\text{hm}^2$ , 减产 10%~15%, 造成经济损失约 20 亿元<sup>[3-4]</sup>。目前, 防控晚疫病仍然以化学药剂为主, 大量化学农药的使用不仅造成环境污染, 还会严重危害人类健康, 同时还会出现抗药性更强的生理小种, 极大地增加晚疫病的防治难度<sup>[5]</sup>。因此, 种植抗病品种仍然是防治晚疫病最根本、最有效的方法。但到目前为止, 具有广谱和持久抗性的品种较少, 培育对晚疫病具有广谱和持久抗性的品种是急需解决的问题<sup>[6]</sup>。

最初, 育种家们使用来源于六倍体野生种 *Solanum demissum* 的抗性基因作为抗源, 相继克隆了 *R1*、*R2*、*R3a*、*R3b* 和 *R8*, 并开发了相应的分子标记应用于分子标记辅助育种<sup>[7-10]</sup>。这些分子标记的使用有效地提高了抗病育种的效率<sup>[11]</sup>。有研

究<sup>[12]</sup>表明, 即使在能够克服 *R* 基因的晚疫病生理小种存在的情况下, 含有 *R* 基因的群体发病较轻, 依然能增强其田间抗性, 即主效基因也可以解释所谓的数量抗性性状。另外, 研究<sup>[13-14]</sup>发现, 晚疫病抗性鉴别寄主 *MaR8*、*MaR9* 和 *MaR10* 在田间都表现出广谱抗性和数量抗性的特点。据报道<sup>[15]</sup>, *R8* 基因具有较强的田间抗性, 能够显著延迟晚疫病发病时间, 并且具有广谱和持久抗性。含有 *R8* 基因的品种在欧洲、北美抗性表现良好, 仍然具有一定的应用价值<sup>[16]</sup>。

另外, 本实验室前期通过抗性鉴定与分子标记筛选发现一些表现抗病的品种中大多存在 *R8* 基因, 本研究继续利用 *R8* 基因的特异性分子标记辅助选择, 结合晚疫病田间抗性鉴定, 筛选出抗性持久稳定的马铃薯材料, 为选育抗病品种提供亲本, 加快马铃薯分子标记辅助育种进程, 为今后马铃薯聚合抗病育种提供依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料

试验材料为国家马铃薯种质资源试管苗库(克山)保存的 102 份马铃薯种质资源, 主要是国内各育种单位育成的品种, 根据以往的田间观察选择 102 份材料, 并以其中的尤金为感病对照。2021 和

作者简介: 娄树宝, 主要从事马铃薯种质资源保存与创新研究, E-mail: loushubao@163.com

宋继玲为通信作者, 主要从事马铃薯种质资源保存研究, E-mail: jl\_song929@126.com

基金项目: 齐齐哈尔市科技计划创新激励项目(CNYGG-2022025); 科技部、财政部、国家科技资源共享服务平台项目“国家作物种质资源库马铃薯分库运行服务”(NCGRC-2022-44); 农业农村部物种保护项目“马铃薯种质资源安全保存及普查收集资源鉴定评价与繁殖编目入库”(19221860); 农业农村部“马铃薯种质资源精准鉴定”(19221974)

收稿日期: 2023-03-14; 修回日期: 2023-05-22; 网络出版日期: 2023-09-26

2022 年将试验材料种植于黑龙江省农业科学院克山分院试验地，每份材料种植 10 株。供试材料试管苗用于 DNA 提取。

**1.2 基因组 DNA 提取及 R8 基因分子标记检测**

取试管苗顶部茎叶，使用 DNasecure 新型植物基因组 DNA 提取试剂盒（DP320）提取基因组 DNA。用 1%琼脂糖凝胶电泳检测基因组 DNA 质量，DNA 样品保存于-20 °C冰箱。

R8 基因分子标记信息<sup>[17]</sup>见表 1，由上海生工生物工程有限公司合成。20 μL PCR 反应体系包括 2×Taq PCR Master Mix 10 μL，正、反引物各 1 μL，DNA 模板 1 μL，ddH<sub>2</sub>O 7μL。PCR 扩增程序：95 °C预变性 5 min；95 °C变性 30 s，59 °C退火 40 s，72 °C延伸 1 min，35 个循环；72 °C延伸 5 min，4 °C保存。PCR 结束后，取 4 μL 扩增产物与 2 μL 6× Loading Buffer 混匀，于 1.0%琼脂糖凝胶电泳检

表 1 R8 基因分子标记  
Table 1 R8 gene molecular marker

基因 Gene	标记名称 Marker name	引物序列 Primer sequence (5'-3')	退火温度 Annealing temperature (°C)	产物大小 Product size (bp)
R8	R8-Fd	CTGGCGCTGGTTTGTCTATGC	59	682
	R8-Rd	TCTCTTCGACTTCTCTTACGAGGTCTA		

测，在紫外灯下观察记录结果，并拍照。

**1.3 晚疫病田间抗性鉴定**

采用田间自然发病法，在所有马铃薯植株叶片完全展开后，每周观察植株发病情况，统计各马铃薯品种的病级，采用病情指数法计算晚疫病病情指数<sup>[18]</sup>，病情指数为 3 次调查的平均值。

病情指数=Σ（各级病叶数×相对病级数值）/（调查总叶数×9）×100。

病级标准如下，0 级：无病斑；1 级：病斑面积占整个叶面积 5%以下；3 级：病斑面积占整个叶面积 6%~10%；5 级：病斑面积占整个叶面积 11%~20%；7 级：病斑面积占整个叶面积 21%~50%；9 级：病斑面积占整个叶面积 50%以上。由田间抗病性级别标准<sup>[19]</sup>可得，病情指数低于 30 为高抗（HR），31~50 为中抗（MR），51~70 为中感（MS），70 以上为高感（HS）。

**1.4 数据处理**

采用 Excel 2007 软件进行统计和分析数据。

**2 结果与分析**

**2.1 田间晚疫病抗性鉴定结果**

为筛选出含 R8 基因的抗晚疫病品种，有目的地选择一些田间表现抗病的材料和黑龙江省种植面积比较大的品种。根据 2 年的田间抗性平均值，田间抗性分级结果如图 1 和表 2 所示，高抗材料有 33 份，占 32.4%，中抗材料有 54 份，占 52.9%，中感材料有 9 份，占 8.8%，高感材料有 6 份，占 5.9%。33 份高抗材料中有 3 份野生资源，1 份原始栽培种，1 份俄罗斯材料，其余均为国内育成品种；

6 份高感材料均为黑龙江省种植年限较长或种植面积较大的品种。表明省外育成的抗性品种在黑龙江省有一定的应用价值。

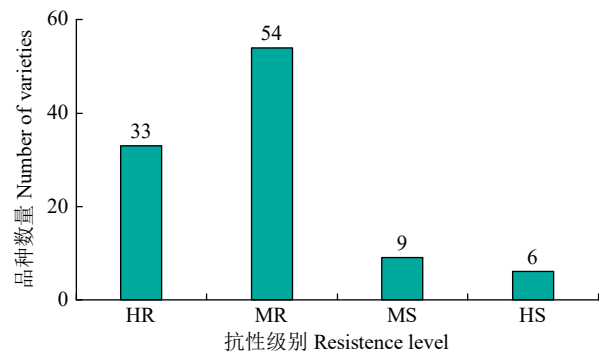


图 1 晚疫病田间抗性鉴定结果  
Fig.1 Evaluation results of field resistance to late blight

**2.2 R8 基因分子标记检测**

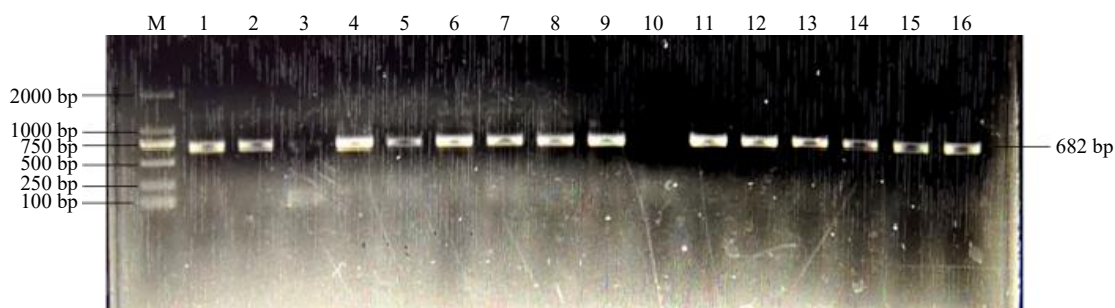
如图 2 所示，对 102 份材料进行琼脂糖电泳检测，含有 R8 分子标记的材料可以扩增出 682 bp 的特异性片段。在 102 份材料中只有 3 份没有检测出 R8 基因，分别是川芋 85、华颂 88 和 *S. pinnatisecta*（表 2）。表明国内大部分抗性材料均含有 R8 基因，而这 3 份材料的抗性可能是由其他的抗性基因所提供。

**2.3 R8 分子标记与田间抗性鉴定的一致性分析**

根据分子标记与田间抗性鉴定结果（表 2），在 87 份抗性（高抗和中抗）材料中检测出 84 份含有 R8 基因，在 102 份材料中分子标记抗性符合度为 84.8%，说明 R8 分子标记有无与田间晚疫病抗性符合程度较高，因此 R8 分子标记可以用于分子标记辅助选择（marker-assisted selection，MAS）。

表 2 晚疫病抗性评价等级及分子标记检测  
Table 2 Late blight resistance grades and detection of molecular marker

编号 Number	品种名称 Variety name	晚疫病抗性 Late blight resistance	病情指数 Disease index	R8 基因 R8 gene	编号 Number	品种名称 Variety name	晚疫病抗性 Late blight resistance	病情指数 Disease index	R8 基因 R8 gene
1	克新 25 号	中感	55.6	有	52	冀张薯 14 号	中抗	48.8	有
2	陇薯 11 号	中抗	33.3	有	53	丽薯 1 号	中抗	39.2	有
3	维拉斯	中抗	32.3	有	54	华颂 1 号	高抗	24.5	有
4	内薯 7 号	中抗	44.3	有	55	晋薯 16 号	高抗	16.8	有
5	克新 26 号	中抗	35.7	有	56	华颂 88	中抗	41.1	无
6	陇薯 6 号	中抗	31.3	有	57	丽薯 15 号	中抗	34.4	有
7	<i>S.jamesii</i>	中抗	44.7	有	58	紫罗兰	高抗	22.3	有
8	丽薯 2 号	中抗	44.7	有	59	富金	高感	89.6	有
9	<i>S.acaule</i>	高抗	8.3	有	60	垦加 3 号	中抗	33.2	有
10	陇薯 5 号	中抗	32.6	有	61	云薯 105	高抗	9.3	有
11	延薯 12 号	高抗	20.5	有	62	北疆 1 号	中抗	39.2	有
12	延薯 1 号	中抗	37.7	有	63	同薯 29 号	中感	60.3	有
13	中薯 4 号	中感	65.9	有	64	兴佳 2 号	高感	88.6	有
14	中薯 16 号	高抗	15.3	有	65	云薯 506	高抗	14.1	有
15	蒙薯 13 号	高抗	24.5	有	66	华恩 1 号	中抗	44.3	有
16	川芋 85	中抗	44.3	无	67	<i>S.stenotomum</i>	高抗	10.0	有
17	延薯 10 号	中抗	35.1	有	68	希森 6 号	中抗	45.5	有
18	岭薯 1 号	中抗	36.7	有	69	土岩 2 号	中抗	46.1	有
19	丽薯 7 号	高抗	27.7	有	70	郑薯 5 号	中抗	37.8	有
20	丽薯 6 号	中抗	33.3	有	71	兴佳 3 号	中抗	46.7	有
21	大同里外黄	中抗	40.6	有	72	克新 23 号	中感	52.2	有
22	韩威 1 号	中抗	43.5	有	73	费乌瑞它	高感	92.3	有
23	中薯 2 号	中感	58.5	有	74	云薯 202	高抗	19.7	有
24	滇薯 47	中抗	35.3	有	75	<i>S.chacoense</i>	中抗	31.5	有
25	韩锦 2 号	中抗	33.7	有	76	<i>S.stoloniferum</i>	中抗	37.4	有
26	晋薯 15 号	中抗	44.2	有	77	东薯 3 号	中抗	33.4	有
27	丽薯 11 号	高抗	22.2	有	78	晋薯 8 号	中抗	39.5	有
28	云薯 205	中抗	31.4	有	79	云薯 305	高抗	17.7	有
29	鄂马铃薯 13 号	高抗	16.5	有	80	云薯 902	高抗	22.3	有
30	宁蒗 5 号	中抗	37.7	有	81	云薯 505	高抗	21.7	有
31	菲勒塞纳	中抗	38.7	有	82	云薯 107	中抗	33.7	有
32	丽薯 10 号	高抗	17.5	有	83	大西洋	高感	94.8	有
33	天薯 15 号	高抗	21.0	有	84	<i>S.pinnatisecta</i>	高抗	11.1	无
34	泉云 3 号	中抗	47.7	有	85	陇薯 10 号	高抗	14.6	有
35	中薯 9 号	中抗	35.5	有	86	克新 34	中抗	37.3	有
36	东薯 1 号	中抗	40.7	有	87	克新 33	高抗	15.6	有
37	华颂 11	中抗	34.3	有	88	合作 88	高抗	27.7	有
38	垦彩薯 1 号	中抗	32.3	有	89	庄薯 3 号	高抗	22.3	有
39	春秋 9 号	中抗	31.1	有	90	紫花白	高抗	8.9	有
40	冀张薯 5 号	中抗	44.9	有	91	天薯 9 号	高抗	23.3	有
41	北薯 2 号	中抗	45.9	有	92	NS51-5	高抗	23.1	有
42	华颂 34	中感	55.7	有	93	米拉	中抗	48.9	有
43	闽薯 1 号	高感	78.7	有	94	垦薯 1 号	中抗	33.2	有
44	鑫科薯 1 号	高抗	13.3	有	95	黑森	高抗	7.5	有
45	宁薯 3 号	高抗	19.8	有	96	黑美人	高抗	9.8	有
46	中薯 6 号	中抗	34.2	有	97	克新 19 号	中感	52.3	有
47	云薯 401	高抗	16.4	有	98	天薯 10 号	中抗	33.2	有
48	中薯 15 号	中抗	44.6	有	99	克新 13 号	中抗	46.8	有
49	雪育 2 号	中抗	37.7	有	100	Atzimba	中抗	44.8	有
50	新大坪	中抗	44.2	有	101	扎列娃	高抗	10.9	有
51	尤金	高感	90.3	有	102	克新 1 号	中抗	48.8	有



M: DL2000; 1: 陇薯 6 号; 2: *S. caule*; 3: 丽薯 2 号; 4: 陇薯 5 号; 5: 延薯 12 号; 6: 延薯 1 号; 7: 中薯 4 号; 8: 中薯 16 号; 9: 蒙薯 13 号; 10: 川芋 85; 11: 延薯 10 号; 12: 岭薯 1 号; 13: 丽薯 7 号; 14: 丽薯 6 号; 15: 大同里外黄; 16: 韩威 1 号。  
M: DL2000 DNA marker; 1: Longshu 6; 2: *S. caule*; 3: Lishu 2; 4: Longshu 5; 5: Yanshu 12; 6: Yanshu 1; 7: Zhongshu 4; 8: Zhongshu 16; 9: Mengshu 13; 10: Chuanyu 85; 11: Yanshu 10; 12: Lingshu 1; 13: Lishu 7; 14: Lishu 6; 15: Datongliwaihuang; 16: Hanwei 1.

图 2 *R8* 基因的分子标记检测

Fig.2 Molecular marker detection of *R8* gene

### 3 讨论

目前,常规育种需要育种家把多个含有优异基因的材料,通过有性杂交,经过田间鉴定进行筛选,这一过程需要花费大量时间、财力和物力。而随着分子标记的开发,通过分子标记在实生苗世代就可以进行抗病筛选,极大地缩短了育种年限。利用抗病基因分子标记评价和改良作物抗病性是一种经济有效的方法,在不同作物中已广泛应用<sup>[20-21]</sup>。抗病基因的发掘和多个抗病基因聚合是提高马铃薯品种持久抗病性的重要手段,获得优异抗病种质资源是培育抗病品种的基础。因此,聚合多个 *Rpi* 基因,尤其是广谱 *Rpi* 基因,能够实现广谱抗性,如具有较强广谱抗性的材料 MaR8 含有 *R3a*、*R3b*、*R4*、*R8*, MaR9 含有 *R1*、*Rpi-abpt1*、*R3a*、*R3b*、*R4*、*R8*、*R9*、*R9a*, Sarpò Mira 含有 *R3a*、*R3b*、*R4*、*Rpi-Smira1*、*Rpi-Smira2/R8*<sup>[9,12]</sup>。本研究应用中 *R8* 基因分子标记对 102 份资源进行筛选,结果有 84 份材料分子标记与抗性评价一致,符合度达到 84.8%,说明该标记具有辅助选择的效果。但是仍然有 15 份材料含有 *R8* 基因,却表现感病。有研究<sup>[22]</sup>发现,随着植株的生长, *R8* 基因的表达呈现先上升后下降的趋势,猜测可能是感病材料中含有抑制因子限制 *R8* 基因的功能,导致基因的表达量与抗性水平存在一定关联。所以后续会对多种晚疫病抗性基因进行检测,并且结合田间抗性与室内接种鉴定,筛选出含有多个抗性基因的抗晚疫病品种,为聚合育种提供优异资源。

本试验选出的 87 份抗性资源可以为黑龙江省马铃薯新品种的推广和布局提供优异种质,为晚疫病抗病育种提供亲本材料。本研究还发现来自于西

南地区的品种在本地区仍然抗病,虽然有些品种在当地已经丧失抗性,如合作 88、丽薯 6 号和黑美人在李锐等<sup>[15]</sup>的研究中表现感病,但在本研究中表现抗病,原因可能是两地病原菌生理小种组成不同。另外,调查中还发现彩色马铃薯晚疫病和疮痂病抗性较好,原因有待进一步研究。本试验检测到 *S. stenotomum*、内薯 7 号和陇薯 6 号含有 *R8* 基因,但在前期的试验未检测到,可能是当时未扩增出特异性片段。

随着病原菌生理小种的变化, *R1*~*R11* 中除 *R8* 为广谱 *Rpi* 基因,其他的主效 *Rpi* 基因均已被克服<sup>[23]</sup>,所以育种家们开始聚焦于广谱 *Rpi* 基因。即便有克服 *R8* 基因的“超级小种”出现, *R8* 基因仍具有持久的田间抗性。从本研究的结果来看,含有 *R8* 基因的品种田间抗性存在差异,但是总体而言,大多在田间还是表现抗病。在今后的抗病育种中,可选择聚合含 *R8* 基因的多抗材料作为亲本,应用 *R8* 分子标记进行 MAS,可极大提高育种效率,真正做到常规育种与分子标记辅助选择相结合。

### 4 结论

晚疫病田间抗性鉴定结果表明,102 份马铃薯材料有 87 份材料抗晚疫病,其中高抗材料 33 份,占 32.4%,中抗材料 54 份,占 52.9%;15 份材料感晚疫病,其中中感材料 9 份,占 8.8%,高感材料 6 份,占 5.9%。102 份材料中有 99 份含有 *R8* 基因。分析田间抗性与 *R8* 基因分子标记的关系,发现 *R8* 分子标记与抗性符合程度较高,证明 *R8* 分子标记可用于马铃薯抗晚疫病分子标记辅助选择育种。

#### 参考文献

- [1] 联合国粮食组织. 粮农组织统计数据库. (2019-01-18) [2023-03-10]. <http://faostat.fao.org/>.

- [2] Lehsten V, Wiik L, Hannukkala A, et al. Earlier occurrence and increased explanatory power of climate for the first incidence of potato late blight caused by *Phytophthora infestans* in Fennoscandia. PLoS ONE, 2017, 12(5): e0177580.
- [3] 黄冲, 刘万才. 近几年我国马铃薯晚疫病流行特点分析与监测建议. 植物保护, 2016, 42(5): 142-147.
- [4] 吴秋云, 黄科, 刘明月, 等. 马铃薯晚疫病抗病基因研究进展. 中国马铃薯, 2014, 28(3): 175-179.
- [5] 徐进, 朱杰华, 杨艳丽, 等. 中国马铃薯病虫害发生情况与农药使用现状. 中国农业科学, 2019, 52(16): 2800-2808.
- [6] 周倩, 秦玉芝, 吴秋云, 等. 马铃薯晚疫病抗病育种研究进展. 分子植物育种, 2016, 14(4): 929-934.
- [7] Agim B, Maria R E, Julia W, et al. The *R1* gene for potato resistance to late blight (*Phytophthora infestans*) belongs to the Leucine zipper/NBS/LRR class of plant resistance genes. Plant Journal, 2022, 30(3): 361-371.
- [8] Lokossou A A, Park T, van Arkel G, et al. Exploiting knowledge of R/Avr genes to rapidly clone a new LZ-NBS-LRR family of late blight resistance genes from potato linkage group IV. Molecular Plant-Microbe Interactions, 2009, 22: 630-641.
- [9] Kim H J, Lee H R, Jo K R, et al. Broad spectrum late blight resistance in potato differential set plants MaR8 and MaR9 is conferred by multiple stacked *R* genes. Theoretical and Applied Genetics, 2012, 124(5): 923-935.
- [10] Jiang R, Li J, Tian Z, et al. Potato late blight field resistance from QTL *dPI09c* is conferred by the NB-LRR gene *R8*. Journal of Experimental Botany, 2018, 69(7): 1545-1555.
- [11] 徐建飞, 金黎平. 马铃薯遗传育种研究: 现状与展望. 中国农业科学, 2017, 50(6): 990-1015.
- [12] Rietman H, Bijsterbosch G, Cano L M, et al. Qualitative and quantitative late blight resistance in the potato cultivar Sarpo Mira is determined by the perception of five distinct RXLR effectors. Molecular Plant-Microbe Interactions, 2012, 25(7): 910-919.
- [13] Jo K R, Arens M, Kim T Y, et al. Mapping of the *S.demissum* late blight resistance gene *R8* to a new locus on chromosome IX. Theoretical and Applied Genetics, 2011, 123(8): 1331-1340.
- [14] Lindqvist-Kreuzer H, Gastelo M, Perez W, et al. Phenotypic stability and genome-wide association study of late blight resistance in potato genotypes adapted to the tropical highlands. Phytopathology, 2014, 104(6): 624-633.
- [15] 李锐, 郭华春. 255 份马铃薯种质晚疫病广谱 *Rpi* 基因标记检测及抗性田间验证. 植物遗传资源学报, 2023, 24(3): 817-828.
- [16] Rogozina E V, Beketova M P, Muratova O A, et al. Stacking resistance genes in multiparental interspecific potato hybrids to anticipate late blight outbreaks. Agronomy, 2021, 11: 115.
- [17] 聂佳惠, 李红军, 宋威武, 等. 华薯和鄂薯系列马铃薯品种晚疫病抗病基因及水平抗性相关基因 SNP 位点检测. 中国马铃薯, 2021, 35(1): 9-18.
- [18] 李文娟, Forbes G A, 谢开云. 马铃薯晚疫病发病程度田间观察记录标准的探讨. 中国马铃薯, 2012, 26(4): 238-246.
- [19] 刘勋, 郑克邪, 张娇, 等. 马铃薯晚疫病抗性基因分子标记检测及抗性评价. 植物遗传资源学报, 2019, 20(3): 538-549.
- [20] 王金萍, 刘永伟, 孙果忠, 等. 抗茎腐病分子标记在 159 份玉米自交系中的验证及实用性评价. 植物遗传资源学报, 2017, 18(4): 754-762.
- [21] 向小姣, 张建, 郑天清, 等. 应用分子标记技术改良京作 1 号的稻瘟病抗性. 植物遗传资源学报, 2016, 17(4): 773-780.
- [22] 丁德骏. 马铃薯晚疫病抗性资源筛选、抗病基因组成及水平抗性 SNP 位点分析. 武汉: 华中农业大学, 2020.
- [23] Junqi S, James M B, Kristine S N, et al. Gene *RB* cloned from *Solanum bulbocastanum* confers broad spectrum resistance to potato late blight. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2003, 100(16): 9128-9133.

## Molecular Marker Screening of Potato Late Blight Resistant Gene *R8* and Evaluation of Field Resistance

Lou Shubao<sup>1,2</sup>, Yang Mengping<sup>1</sup>, Xing Jinyue<sup>1</sup>, Zhai Lingxia<sup>1</sup>

Wang Hui<sup>1</sup>, Liu Chunsheng<sup>1</sup>, Wang Lichun<sup>1</sup>, Song Jiling<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>Keshan Branch of Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences/Test-Tube Plantlet Bank of National Potato Germplasm Resources (Keshan), Qiqihar 161005, Heilongjiang, China; <sup>2</sup>Academy of Agricultural and Forestry Sciences, Qinghai University, Xining 810016, Qinghai, China)

**Abstract** Potato is an important food crop that plays an important role in global food security. Late blight caused by *Phytophthora infestans* is one of the most devastating diseases in potato production, and planting broad-spectrum and durable resistant varieties is the most economical, effective and green way to control late blight. In this study, 102 resources were conducted for *R8* gene using specific molecular markers, and 84 potato materials with disease resistance and containing *R8* gene were selected in combination with field late blight resistance identification, providing abundant resource materials for selection and breeding of disease resistant varieties. According to the results of molecular marker and field resistance identification, the molecular marker resistance compliance was 84.8%, so the *R8* molecular marker could be used for marker-assisted selection.

**Key words** Potato; Late blight; Molecular marker; Field resistance