

中俄大豆种质资源对大豆胞囊线虫 3 号生理小种的抗性评价

项 鹏¹ 魏 然¹ 杨 树¹ 张 武¹ 韩德志¹ 尤 佳² 栗铭徽³ 刘大伟⁴

(¹黑龙江省农业科学院黑河分院/农业农村部黑河野外综合科学观测研究站, 164300, 黑龙江黑河; ²黑龙江省农业科学院大豆研究所, 150086, 黑龙江哈尔滨; ³北安市大龙种业有限公司, 164021, 黑龙江北安; ⁴东北农业大学植物保护学院, 150030, 黑龙江哈尔滨)

摘 要 在自然条件下利用田间和盆栽相结合的传统方法, 从 537 份中俄大豆种质中鉴定出 19 份对大豆胞囊线虫 3 号生理小种具有良好抗性的资源, 占鉴定总数的 3.54%, 其中中国抗性资源 11 份, 俄罗斯抗性资源 8 份。通过 KASP 标记技术, 对控制该性状的主效位点 *Rhgl* 和 *Rhg4* 进行了等位基因检测, 其中 9 份抗性材料在 *Rhgl* 和 *Rhg4* 有抗性位点, 4 份材料在 *Rhg4* 有抗性位点。这些抗性资源的农艺性状优良, 不仅在生产中为大豆胞囊线虫 3 号生理小种高发区提供了抗性品种, 也可以直接作为抗性亲本应用于育种, 推进大豆胞囊线虫抗病品种选育的进程。

关键词 大豆种质资源; 3 号生理小种; 抗性评价; KASP 标记

大豆胞囊线虫病 (soybean cyst nematode, SCN) 是大豆生产中的重要病害, 一般可造成大豆减产 5%~10%, 危害严重的地块甚至绝收, 该病害很大程度上制约着我国大豆经济及产量的增长^[1]。防治大豆胞囊线虫方法有很多, 而应用抗病品种是最经济有效的解决途径。3 号生理小种是黑龙江地区的优势病原群体^[2], 因此筛选针对该小种的抗源对于保障当地大豆抗病育种的成效具有至关重要的意义。

我国大豆抗胞囊线虫病育种的早期工作为后续相关研究奠定了重要基础。全国大豆种质抗胞囊线虫鉴定研究协作组研究^[3]表明, 1986–1990 年间, 通过对 10 000 余份大豆种质开展系统鉴定, 成功筛选出对 3 号生理小种免疫材料 3 份、抗性材料 18 份以及抗 4 号小种材料 2 份。周长军等^[4]在 2020–2021 年, 通过田间病圃与室内盆栽接种试验, 对 620 份东北地区常用大豆亲本进行了 3 号生理小种抗性鉴定, 结果表明达到中抗及以上水平的品种 (系) 共 30 份, 占鉴定总数的 4.84%。李明姝等^[5]于 2014 年在温室利用盆栽鉴定的方法对 3 号生理小种进行了抗病性鉴定, 从 779 份大豆种质资源中筛选出 19 份抗病种质, 占鉴定总数的 2.44%。此后, 大豆种质资源对大豆胞囊线虫不同生理小种的抗性鉴定逐渐成为一个活跃的研究

方向, 相关研究得以不断推进^[6–8]。

随着科技的发展, Kadam 等^[9]基于 *Rhgl* 与 *Rhg4* 位点的基因组信息, 开发了相应的 KASP 标记, 实现了大豆抗 SCN 相关位点的高通量检测。练云等^[10]利用 KASP 标记技术在 487 份材料中鉴定出 22 份携带 *Rhgl* 或 *Rhg4* 抗性位点的材料, 通过接种鉴定发现, 仅 5 份材料对 2 号生理小种表现出实际抗性。魏荷等^[11]从 333 份大豆种质中鉴定出 19 份对 2 号生理小种具有抗性的材料, 经 KASP 标记证实这些抗性种质均含有 *Rhgl* 和 *Rhg4* 主效位点。KASP 标记的应用提高了对抗病材料的选择效率, 因此, 开展抗大豆胞囊线虫病评价时, 需要分子标记和抗性鉴定相结合。

本研究以中国黑龙江省与俄罗斯阿穆尔州大豆主产区的 537 份核心种质为试验材料, 采用表型鉴定与 KASP 分子标记检测相结合的技术体系, 系统评价核心种质对大豆胞囊线虫 3 号生理小种的抗性, 明确抗性位点基因型与农艺品质特征, 旨在为黑龙江省大豆抗胞囊线虫育种提供多元化抗源与科学依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

本研究共收集了中俄大豆种质资源 537 份,

作者简介: 项鹏, 主要从事植物线虫研究, E-mail: xp_303@126.com

刘大伟为通信作者, 主要从事农作物病虫害研究, E-mail: liudawei353@163.com

基金项目: 黑龙江省自然科学基金资助项目 (PL2024C032); 黑龙江省重点研发计划项目 (2024ZXDXB34); 国家大豆产业技术体系线虫防控岗 (CARS-04-PS27)

收稿日期: 2026-01-04; 修回日期: 2026-06-03; 网络出版日期: 2026-06-09

其中中国大豆种质资源 278 份，主要来源于我国黑龙江大豆主产区，俄罗斯大豆种质资源 259 份，主要来源于俄罗斯阿穆尔州大豆主产区，具体材料信息详见网络增强出版附加材料附表 1。大豆胞囊线虫采自黑龙江省农业科学院黑河分院大豆胞囊线虫病圃。

1.2 试验设计

1.2.1 生理小种鉴定 采用 Golden 等^[12]建立的一套鉴别寄主，鉴定试验病圃中的生理小种，以监测生理小种的动态变化。鉴定方法采用 Riggs 等^[13]的鉴定模式，以雌虫指数（female index, FI）为抗性级别，FI≥10%为感病（S）；FI<10%为抗病（R）。

1.2.2 田间鉴定 试验在黑龙江省农业科学院黑河分院大豆胞囊线虫病圃进行，地块自然感染 3 号生理小种。田间鉴定采用顺序排列，每份材料播种 3 行，行长 2 m，株距 5.00 cm，行距 0.65 m。大豆出苗 30 d 后监测感病品种根部 SCN 的发育情况，当 SCN 白色雌虫完全突出表皮时，记录根上的白色雌虫数，每份材料调查 10 株。参照中国大豆资源抗胞囊线虫鉴定分级标准^[3]，对大豆种质资源进行抗性评价（表 1）。

表 1 抗性鉴定分级标准		
Table 1 Grading standard for resistance identification		
抗性级别 Resistance class	分级标准 Grading standard	抗性评价 Resistance evaluation
1	单株平均胞囊数为 0 个，植株生长正常	免疫（I）
3	单株平均胞囊数在 0.1~3.0 个，植株生长正常	高抗（R）
5	单株平均胞囊数在 3.1~10.0 个，植株生长基本正常或部分矮黄	中抗（MR）
7	单株平均胞囊数在 10.1~30.0 个，植株矮小，叶片发黄，结实少	感（S）
9	单株平均胞囊数在 30.1 个以上，植株不结实，干枯死亡	高感（HS）

1.2.3 盆栽抗性鉴定 对田间表现抗性的材料进行盆栽抗性鉴定。将平均胞囊量 40~52 个/100 g 风干土的病土装入塑料盆（直径 20 cm）中，每个供试材料和鉴别寄主各播种 3 盆，每盆留苗 5 株，播后 30 d 左右第 1 代胞囊显囊期，扣盆洗根，对所有鉴定材料逐株调查，记录根上着生胞囊数，并统计雌虫指数以评价抗性级别。按 Schmitt 等^[14]提出的鉴定大豆抗病性标准进行分级（表 2）。FI（%）=鉴别材料单株平均着生胞囊数/Lee（CK_S）

单株平均着生胞囊数×100。

表 2 抗性鉴定分级标准	
Table 2 Grading standards for resistance identification	
FI (%)	抗性级别 Resistance class
0.0~10.0	高抗（R）
10.1~30.0	中抗（MR）
30.1~60.0	中感（MS）
> 60.0	感（S）

1.2.4 KASP 标记的分析 采用 CTAB 法从抗性材料叶片中提取基因组 DNA，并利用 Nanodrop 2000 测定其浓度与纯度。参照 Kadam 等^[9]报道的 KASP 标记设计合成引物，根据 LGC Genomics KASP™ 基因分型试剂盒（KBS-1016-002）说明书配制 PCR 反应体系，反应程序参照魏荷等^[11]的方法。将扩增产物置于 Pherastar SNP 基因分型仪上进行荧光检测，依据荧光信号比值判定 SNP 基因型。以抗病品种 PI90763（CK_R）和感病品种 Lee（CK_S）的 KASP 基因型为参照^[15-16]。

1.2.5 抗性种质资源农艺及品质性状调查 将田间鉴定和盆栽鉴定筛选出来的 19 份抗性材料随机区组排列播种在黑河分院试验基地，在大豆生长期调查抗性材料的农艺性状，参照邱丽娟等^[17]的方法调查指标。在收获期调查百粒重，并测定蛋白质和脂肪含量。

1.3 数据处理

采用 WPS 软件进行数据处理与图表制作，使用 WPS 函数计算每组数据的平均值。

2 结果与分析

2.1 3 号生理小种的鉴定

根据生理小种鉴定结果（表 3），确定试验病圃中的线虫种群为大豆胞囊线虫 3 号生理小种，其生理小种类型未发生变异。

表 3 大豆胞囊线虫 3 号生理小种鉴定结果			
Table 3 Identification results of soybean cyst nematode race 3			
鉴定材料 Identify material	单株胞囊平均数 Average number of cysts per plant	FI (%)	抗性评价 Resistance evaluation
Pickett	1.00	0.68	R
Peking	4.00	1.90	R
PI88788	3.00	2.04	R
PI90763	0.67	0.46	R
Lee（CK _S ）	147.00	100.00	S

2.2 大豆种质资源对 3 号生理小种的田间抗性鉴定评价

537 份中俄大豆种质资源对 3 号生理小种抗性鉴定结果（表 4）未发现表现免疫的品种。其中，19 个大豆种质资源表现为抗病，占鉴定材料总数的 3.54%，其中 6 个材料表现为高抗，13 个材料表现为中抗。有 518 个大豆种质资源对 3 号生理小种表现为高感或感病，占鉴定材料总数的 96.46%。

表 4 537 份大豆种质资源对 3 号生理小种抗性评价结果
Table 4 Evaluation results of resistance to cyst nematode race 3 in 537 soybean germplasm resources

抗性评价 Resistance evaluation	材料数 Number of materials	所占比例 Percentage (%)
R	6	1.12
MR	13	2.42
S	198	36.87
HS	320	59.59

2.3 大豆种质资源对 3 号生理小种的盆栽鉴定评价

经鉴定（表 5），19 份材料对大豆胞囊线虫 3 号生理小种均表现抗病，其中表现高抗的材料有安 2-318、庆豆 13、黑农 531、抗线虫 12、октябрь70

表 5 19 份抗病材料的盆栽鉴定结果
Table 5 Results of pot identification for 19 resistant materials

编号 Number	材料 Material	平均雌虫数 Average number of females	FI (%)	抗性评价 Resistance evaluation	来源 Origin
1	安 2-318	8.47	6.26	R	中国
2	庆豆 13	9.17	6.78	R	中国
3	黑农 531	6.89	5.10	R	中国
4	抗线虫 12	4.55	3.37	R	中国
5	октябрь70	5.89	4.36	R	俄罗斯
6	соната	6.22	4.60	R	俄罗斯
7	嫩丰 18	15.41	11.40	MR	中国
8	农庆豆 24	21.36	15.80	MR	中国
9	黑河 52	41.22	29.75	MR	中国
10	黑河 46	38.24	28.28	MR	中国
11	鹏豆 158	17.24	12.75	MR	中国
12	齐农 5	22.18	16.40	MR	中国
13	齐农 12	22.64	16.74	MR	中国
14	Вецауцес	33.46	24.74	MR	俄罗斯
15	Киевская	15.34	11.35	MR	俄罗斯
16	Малета	20.14	14.90	MR	俄罗斯
17	Лондон	33.15	24.52	MR	俄罗斯
18	Росинка	32.57	24.09	MR	俄罗斯
19	Сентябряка	28.29	20.92	MR	俄罗斯
20	Lee (CK _s)	135.21	100.00		

和соната，表现中抗的材料有嫩丰 18、农庆豆 24、黑河 52、黑河 46、鹏豆 158、齐农 5、齐农 12、Вецауцес、Киевская、Малета、Лондон、Росинка 和Сентябряка。19 份抗性材料中 11 份来自中国，8 份来自俄罗斯。

2.4 抗性位点分析

利用 KASP 标记对 19 份材料进行检测（表 6），其中有 9 份材料基因型与抗病品种 PI90763 一致，在 *Rhg1* 和 *Rhg4* 位点都有 SCN 抗性位点，属于 Peking 抗性类型。有 4 份材料在 *Rhg4* 位点检测到有 SCN 抗性位点，属于 *Rhg4* 抗性类型。6 份材料基因型与感病品种 Lee 一致，没有检测到 *Rhg1* 或 *Rhg4* 位点，这些材料的抗性可能源于其他未知的抗性位点。

表 6 19 份抗性材料的 KASP 标记分析
Table 6 KASP marker analysis of 19 resistant materials

编号 Number	材料 Material	<i>Rhg1</i> 位点标记 <i>Rhg1</i> locus marker		<i>Rhg4</i> 位点标记 <i>Rhg4</i> locus marker	
		<i>Rhg1</i> -2	<i>Rhg1</i> -5	<i>Rhg4</i> -3	<i>Rhg4</i> -5
1	安 2-318	+	+	+	+
2	庆豆 13	+	+	+	+
3	黑农 531	+	+	+	+
4	抗线虫 12	+	+	+	+
5	октябрь70	-	-	+	+
6	соната	-	-	+	+
7	嫩丰 18	+	+	+	+
8	农庆豆 24	+	+	+	+
9	黑河 52	-	-	-	-
10	黑河 46	-	-	-	-
11	鹏豆 158	+	+	+	+
12	齐农 5	+	+	+	+
13	齐农 12	-	-	+	+
14	Вецауцес	-	-	-	-
15	Киевская	-	-	-	-
16	Малета	-	-	-	-
17	Лондон	-	-	-	-
18	Росинка	-	-	+	+
19	Сентябряка	+	+	+	+
20	Lee (CK _s)	CC	GG	AA	CC
21	PI90763 (CK _R)	GG	CC	TT	GG

“+”表示携带抗性等位基因；“-”表示未携带抗性等位基因。
“+” indicates carrying the resistance allele; “-” indicates no carrying the resistance allele.

2.5 抗性种质资源农艺及品质性状分析

对 19 份抗病材料的农艺及品质性状调查结果（表 7）显示，其中 6 份高抗材料种皮均为黄色，可在抗病育种中作为抗性亲本直接应用。

октябрь70 和соната俄罗斯高抗材料种皮呈黄色，60.00%，也是较好的抗性亲本材料。黑农 531 对 3 种脐呈淡黄色，且蛋白质和脂肪总含量都超过了 号生理小种表现出稳定抗性，可在大豆胞囊线虫

表 7 19 份抗性材料的农艺及品质性状分析
Table 7 Analysis of agronomic and quality traits of 19 resistant materials

编号 Number	材料 Material	株高 Plant height (cm)	生育期 Growth period (d)	花色 Flower color	叶形 Leaf shape	脐色 Hilum color	种皮颜色 Seed coat color	蛋白质含量 Protein content (%)	脂肪含量 Fat content (%)	百粒重 100-seed weight (g)
1	安 2-318	80	123	白色	圆叶	黄色	黄色	42.07	20.30	20.0
2	庆豆 13	90	123	紫色	圆叶	黑色	黄色	41.06	21.09	19.0
3	黑农 531	85	123	白色	尖叶	黄色	黄色	38.17	22.34	21.3
4	抗线虫 12	90	123	紫色	圆叶	淡褐色	黄色	39.77	20.89	19.4
5	октябрь70	80	105	紫色	尖叶	淡褐色	黄色	40.30	21.60	18.0
6	соната	75	98	紫色	尖叶	淡黄色	黄色	40.90	20.70	15.6
7	嫩丰 18	85	116	紫色	圆叶	淡褐色	黄色	40.28	19.97	19.5
8	农庆豆 24	78	123	白色	圆叶	褐色	黄色	38.53	21.02	19.0
9	黑河 52	90	110	紫色	尖叶	淡黄色	黄色	40.55	21.52	20.6
10	黑河 46	75	112	紫色	尖叶	淡黄色	黄色	39.74	20.11	17.9
11	鹏豆 158	80	115	白色	尖叶	淡褐色	黄色	39.08	22.16	21.8
12	齐农 5	100	123	白色	尖叶	淡褐色	黄色	41.50	21.90	20.0
13	齐农 12	93	120	紫色	圆叶	黄色	黄色	39.71	20.76	21.0
14	Вецауцес	75	115	紫色	尖叶	淡黄色	黄色	41.84	18.98	20.0
15	Киевская	85	117	紫色	卵圆叶	褐色	黄色	41.39	21.85	21.0
16	Малета	78	108	白色	尖叶	黑色	黑色	39.05	21.91	19.4
17	Лондон	90	117	白色	圆叶	淡褐色	黄色	38.56	21.09	20.5
18	Росинка	80	100	紫色	尖叶	黄色	黄色	41.41	21.50	16.0
19	Сентябряка	73	95	白色	卵圆叶	褐色	黑色	41.42	17.96	15.5

高发区推广应用。

3 讨论

虽然我国大豆品种资源丰富，在抗病资源发掘与利用方面具有独特优势，但是这些抗线品种的遗传基础非常狭窄，抗病基因来源单一^[18]。大豆胞囊线虫具有毒力多样性，在田间以混合群体形式存在，存在多个生理小种。长期依赖单一抗线品种进行防治，会对线虫群体产生强大的定向选择压力，从而导致毒力小种迅速富集，最终致使该品种丧失抗性。研究^[2]表明，在黑龙江省，大豆胞囊线虫以毒力较弱的 3 号生理小种为主，6 号、4 号和 14 号生理小种偶有发生。黑龙江地区大豆生产中大多数抗性品种的抗性单一，仅有的抗线品种对 3 号生理小种的抗性已出现减弱或丧失^[19]。因此，利用新的抗源或新型抗病基因是拓宽抗病品种遗传基础的重要途径。国内外研究^[20-21]主要集中在抗病基因鉴定与利用、新型抗病基因发掘 2 个方面。

大豆胞囊线虫的抗性是受多个位点控制的数

量性状遗传^[22]，研究^[23-24]表明，*Rhgl* 和 *Rhg4* 是提供大豆胞囊线虫抗性的重要位点。*Rhgl* 位于第 18 号染色体上，控制着大豆对多个生理小种的抗性^[25]，此位点内的 GmAAT、a-SNAP 以及 WIP 蛋白 3 个基因参与了对大豆胞囊线虫的抗性，在感病材料中将这 3 个基因都进行超表达后，发现感病材料的抗性明显提升^[26]。*Rhg4* 位于第 8 号染色体上^[27]，能够编码丝氨酸羟甲基转移酶（Shmt），Shmt 的活性被认为是决定抗性程度的关键因子，在不同抗性品种中存在显著差异^[28]。对试验材料接种 3 号生理小种后进行功能验证，证明定位在 *Rhg4* 位点的 *GmSHMT* 基因可正向调控大豆种质对胞囊线虫病的抗性^[29]。除 *Rhgl* 和 *Rhg4* 外，基因组中还分布多个尚未广泛利用的主效 QTL、微效位点及新型抗性基因，可独立或协同介导抗性。研究^[30-32]发现，10 号染色体上的位点可独立介导广谱抗性，过表达候选基因 *GmTGA1-10* 与 *GmSCT-10* 可显著降低胞囊数^[30]；14 号染色体上的 *GmSNAP14* 通过感病基因缺失突变赋予广谱抗性，与 *Rhgl* 或 *Rhg4* 机制完全不同^[31]；此外在 7、9、11、14、19 和 20

号染色体上均鉴定到可稳定表达的新型抗性 QTL, 部分位点在 *Rhgl* 或 *Rhg4* 感病背景下仍能发挥作用^[32]。本研究利用的 KASP 分子标记技术在抗胞囊线虫基因型筛选鉴定中已得到广泛应用^[33], 检测显示有 6 份材料在 *Rhgl* 与 *Rhg4* 的 2 个主效位点均未检测到抗性等位基因, 但其田间与盆栽鉴定均表现出稳定的抗性, 明确证明这些材料不依赖已知主效位点, 而携带新型抗性遗传位点。这一结果对破解当前抗大豆胞囊线虫育种遗传基础狭窄和抗性易失效的关键问题具有重要理论与应用价值。

研究^[34-36]报道, 在黑龙江省的 63 个大豆种植区都检测到大豆胞囊线虫, 个别地区发病尤为严重。应用抗病品种是最经济有效的防治手段, 能有效挽回因病害造成的产量损失, 直接提升单产和总产, 可保障大豆产业安全, 增加农民收入, 同时还可以显著减少化学杀线虫剂的使用, 符合“双减”和绿色可持续发展的国家战略。在重病区种植抗病品种, 能够有效降低土壤中的线虫基数, 逐步修复被大豆胞囊线虫严重侵染的耕地, 恢复其生产能力, 实现藏粮于地的战略目标。

4 结论

本研究首次对中俄大豆种质资源开展大豆胞囊线虫 3 号生理小种抗性系统评价, 田间自然病圃与盆栽人工接种鉴定结果完全一致, 其中获得 11 份中国资源、8 份俄罗斯种质资源, 为黑龙江省抗性资源的丰富及应用奠定了基础。本研究发现了 6 份不依赖 *Rhgl* 与 *Rhg4* 主效位点的抗性材料, 是挖掘新抗病基因和解析新型抗性机制的核心材料, 将这些核心材料的新型位点导入骨干亲本, 可构建多基因聚合抗病材料, 从根本上提升黑龙江省大豆抗大豆胞囊线虫育种的遗传宽度与长久抗性, 为绿色防控与粮食安全提供关键支撑。

参考文献

- [1] 周扬, 李英壮, 韩昕君, 等. 大豆胞囊线虫病研究进展. 浙江农业科学, 2024, 65(9): 2165-2169.
- [2] 尤佳, 李进荣, 王家军, 等. 2015-2022 年黑龙江省大豆产区大豆胞囊线虫病调查. 大豆科学, 2024, 43(2): 176-184.
- [3] 大豆种质抗胞囊线虫鉴定研究协作组. 大豆种质资源对大豆胞囊线虫 1、3、4 号生理小种的抗性鉴定. 大豆科学, 1993, 12(2): 91-99.
- [4] 周长军, 马兰, 陈刚, 等. 东北地区大豆种质资源对 SCN3 抗性表型评价. 黑龙江农业科学, 2023(7): 47-51.
- [5] 李明姝, 于维, 颜秀娟, 等. 大豆种质资源对大豆胞囊线虫 3 号生理小种的抗性评价. 大豆科学, 2017, 36(5): 778-788.
- [6] 曹广禄, 赵雪, 王强, 等. 大豆种质资源对胞囊线虫病 1 号、3 号和 4 号生理小种的抗性鉴定. 大豆科学, 2014, 33(4): 563-565.
- [7] 李泽宇, 李肖白, 于吉东, 等. 大豆品种 (系) 抗大豆胞囊线虫 14 号生理小种的抗性鉴定研究. 大豆科学, 2014, 33(3): 408-410.
- [8] 李茂林. 大豆抗胞囊线虫 2 号生理小种资源筛选及抗性机制研究. 郑州: 郑州大学, 2020.
- [9] Kadam S, Vuong T D, Qiu D, et al. Genomic-assisted phylogenetic analysis and marker development for next generation soybean cyst nematode resistance breeding. Plant Science, 2016, 242: 342-350.
- [10] 练云, 李海朝, 李金英, 等. 利用 KASP 标记筛选含 *rhgl* 和 *Rhg4* 位点的大豆抗病资源. 植物遗传资源学报, 2021, 22(2): 399-406.
- [11] 魏荷, 练云, 李金英, 等. 抗胞囊线虫 2 号生理小种大豆种质的评价和利用. 植物遗传资源学报, 2022, 23(2): 450-459.
- [12] Golden A M, Epps J M, Riggs R D, et al. Terminology and identity of infraspecific forms of the soybean cyst nematode (*Heterodera glycines*). Plant Disease Reporter, 1970, 54(7): 544-546.
- [13] Riggs R D, Schmitt D P. Complete characterization of the racescheme for *Heterodera glycines*. Journal of Nematology, 1988, 20(3): 392-395.
- [14] Schmitt D P, Shannon J C. Differentiating responses to *Heterodera glycines* races. Crop Science, 1992, 32: 275-277.
- [15] Kim K S, Vuong T D, Qiu D, et al. Advancements in breeding, genetics, and genomics for resistance to three nematode species in soybean. Theoretical and Applied Genetics, 2016, 129(12): 2295-2311.
- [16] Patil G B, Lakhssassi N, Wan J R, et al. Whole-genome re-sequencing reveals the impact of the interaction of copy number variants of the *rhgl* and *Rhg4* genes on broad-based resistance to soybean cyst nematode. Plant Biotechnology Journal, 2019, 17(8): 1595-1611.
- [17] 邱丽娟, 常汝镇. 大豆种质资源描述规范和数据标准. 北京: 中国农业出版社, 2006.
- [18] 刘大伟. 灰皮支黑豆对大豆胞囊线虫 3 号生理小种抗性机制研究. 沈阳: 沈阳农业大学, 2011.
- [19] 黄铭慧. 大豆对胞囊线虫 *Heterodera glycines* 的分子遗传抗性机制研究. 北京: 中国科学院大学, 2021.
- [20] Concibido V C, Diers B W, Arelli P R, et al. A decade of QTL mapping for cyst nematode resistance in soybean. Crop Science, 2004, 44(4): 1121-1131.
- [21] Lakhssassi N, Ray J D, Vuong T D, et al. Modern genomics reshapes soybean cyst nematode research: integrating host resistance, nematode virulence, and functional discovery. Molecular Plant-Microbe Interactions, 2026, 39(4): 301-316.
- [22] Vuong T D, Slepner D A, Shannon J G, et al. Novel quantitative traitloci for broad-based resistance to soybean cyst nematode (*Heterodera glycines*) in soybean PI567516C. Theoretical and Applied Genetics, 2010, 121: 1253-1266.
- [23] Cook D E, Lee T G, Guo X, et al. Copy number variation of multiple genes at *rhgl* mediates nematode resistance in soybean. Science, 2012, 338(6111): 1206-1209.
- [24] Liu S M, Kandoth P K, Warren S D, et al. A soybean cyst nematode resistance gene points to a new mechanism of plant resistance to pathogens. Nature, 2012, 492(1428): 256-260.
- [25] Lee T G, Kumar I, Diers B W, et al. Evolution and selection of *Rhgl*, a copy-number variant nematode-resistance locus. Molecular

- Ecology, 2015, 24(8): 1774-1791.
- [26] Butler K J, Chen S Y, Smith J M, et al. Soybean resistance locus *Rhg1* confers resistance to multiple cyst nematodes in diverse plant species. *Phytopathology*, 2019, 109(12): 2107-2115.
- [27] 韩少杰, 郑经武. 寄主对大豆胞囊线虫抗性相关基因功能研究进展. *生物技术通报*, 2021, 37(7): 14-24.
- [28] Shi Z, Liu S M, Noe J, et al. SNP identification and marker assay development for high-throughput selection of soybean cyst nematode resistance. *BMC Genomics*, 2015, 16(1): 314.
- [29] 周园园, 郭永霞, 段玉玺, 等. 巨大芽孢杆菌 Sneb207 诱导大豆抗胞囊线虫病的防效及光合响应. *大豆科学*, 2020, 39(4): 605-611.
- [30] Lakhssassi N, Zhou Z, El-Sayed M, et al. Discovery of two tightly linked soybean genes at the *qSCN10* (O) locus conferring broad-spectrum resistance to soybean cyst nematode. *Communications Biology*, 2025, 8(1): 259.
- [31] Gamage V, Song Q, Beamer L J, et al. *GmSNAP14*: a key contributor to soybean cyst nematode resistance. *New Phytologist*, 2026, 250(4): 2477-2494.
- [32] Vincent T B, Benjamin M, Louise O, et al. Quantitative trait loci underlying resistance to the soybean cyst nematode in PI 507354. *Canadian Journal of Plant Science*, 2026, 106: 1-22.
- [33] Patil G, Vuong T D, Valliyodan B, et al. Genomic-assisted haplotype analysis and the development of high-throughput SNP markers for salinity tolerance in soybean. *Scientific Reports*, 2016, 6: 19199-19211.
- [34] 侯丽. 黑龙江省大豆胞囊线虫病防治对策. *黑龙江农业科学*, 2017(4): 159-160.
- [35] 朱治佳, 袁明, 韩冬伟, 等. 浅析黑龙江省大豆胞囊线虫病防治现状. *大豆科技*, 2022(4): 34-37.
- [36] 张武, 项鹏, 杨树, 等. 黑河地区大豆胞囊线虫群体密度及生理小种分布研究. *东北农业科学*, 2024, 49(1): 70-74.

Resistance Evaluation of Chinese and Russian Soybean Germplasm Resources against Soybean Cyst Nematode Race 3

Xiang Peng¹, Wei Ran¹, Yang Shu¹, Zhang Wu¹, Han Dezhi¹, You Jia², Li Minghui³, Liu Dawei⁴

(¹Heihe Branch of Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences/Heihe Comprehensive Field Scientific

Observation and Research Station, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Heihe 164300, Heilongjiang, China;

²Soybean Research Institute, Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences, Harbin 150086, Heilongjiang, China;

³Limited Liability Company of Dalong Seed Industry, Beian 164021, Heilongjiang, China;

⁴College of Plant Protection, Northeast Agricultural University, Harbin 150030, Heilongjiang, China)

Abstract The resistance of 537 soybean germplasm materials originating from China and Russia to soybean cyst nematode (SCN) race 3 was evaluated using a combination of field screening under natural infestation and pot experiments with infested soil. A total of 19 resistant materials were identified, accounting for 3.54% of the tested germplasm, including 11 accessions from China and eight from Russia. Kompetitive Allele-Specific PCR (KASP) markers were used to genotype the major resistance loci, *Rhg1* and *Rhg4*. Among the resistant materials, nine carried resistance-associated alleles at both *Rhg1* and *Rhg4*, while four possessed resistance alleles only at the *Rhg4* locus. These resistant germplasm resources exhibited favorable agronomic traits and can serve not only as resistant cultivars for areas with a high incidence of soybean cyst nematode race 3 but also as valuable parental materials for resistance breeding programs. The identified resources provide important genetic materials for accelerating the development of soybean cyst nematode-resistant soybean cultivars.

Key words Soybean germplasm resources; Cyst nematode race 3; Resistance evaluation; KASP marker