DOI:10.16861/j.cnki.zggc.2025.0288

山区马铃薯品种抗晚疫病特性的时空演变

肖春芳[1],王　甄[1],曾钰婷[2],许娟妮[2],沈艳芬[1],高剑华[1]

(1.湖北恩施中国南方马铃薯研究中心·恩施土家族苗族自治州农业科学院　湖北恩施　445000;
2.西藏自治区农牧科学院蔬菜研究所　拉萨　850000)

摘　要:马铃薯种植在我国山区经济发展中具有显著优势,但由致病疫霉引起的晚疫病严重制约马铃薯产业化发展。为厘清恩施地区马铃薯主栽品种的抗病性,通过田间病圃两年三点抗病性鉴定和稳定性评价,明确了10个马铃薯品种对晚疫病的抗性程度:费乌瑞它和希森6号为高感,中薯5号为感病,米拉和鄂马铃薯12为中感,鄂马铃薯10号为中抗,青薯9号和鄂马铃薯5号为抗病,鄂马铃薯13和鄂马铃薯14为高抗。马铃薯品种的发病程度与产量呈极显著负相关,其中,鄂马铃薯13具有抗病稳定性好、环境适应性强和产量指标高的优势。同时,利用马铃薯晚疫病标准鉴别寄主,筛选出恩施不同地区的致病疫霉优势小种为race1、3、4、6、7、8、10。研究结果为该区域马铃薯品种的推广应用及晚疫病防治奠定了基础。

关键词:马铃薯品种;晚疫病;抗性评价;时空变化

中图分类号:S532　　**文献标志码:**A　　**文章编号:**1673-2871(2025)09-098-06

Spatio-temporal evolution of late blight resistance of potato variety in mountainous areas

XIAO Chunfang[1], WANG Zhen[1], ZENG Yuting[2], XU Juanni[2], SHEN Yanfen[1], GAO Jianhua[1]

(*1. Southern Potato Research Center of China/Enshi Tujia and Miao Autonomous Prefecture Academy of Agricultural Sciences, Enshi 445000, Hubei, China; 2. Institute of Vegetable Sciences, Xizang Academy of Agricultural and Animal Husbandry Sciences, Lhasa 850000, Xizang, China*)

Abstract: Potato cultivation has a significant comparative advantage in the economic development of mountainous areas in China. However, late blight caused by *Phytophthora infestans* severely restricts the development of potato industrialization. To clarify the disease resistance of major potato varieties in Enshi region, resistance identification and stability evaluation were conducted over two years and three locations in field disease nurseries. The resistance levels of 10 potato varieties to late blight was determined: Favorita and Xisen No. 6 were highly susceptible, Zhongshu No. 5 was susceptible, Mira and E-malingshu No. 12 were moderately susceptible, E-malingshu No. 10 was moderately resistant, Qingshu No. 9 and E-malingshu No. 5 were resistant, while E-malingshu No. 13 and E-malingshu No. 14 were highly resistant. The severity of disease incidence showed a highly significant negative correlation with yield. Among the varieties, E-malingshu No. 13 had the advantages of high resistance stability, strong environmental adaptability and high yield index. Meanwhile, potato late blight criteria were used to identify the host, and the dominant *Phytophthora infestans* species in different areas of Enshi was selected as race1, 3, 4, 6, 7, 8, 10. The research results provide a foundation for promoting potato variety application and late blight control in this region.

Key words: Potato variety; Late blight; Resistance evaluation; Spatio-temporal evolution

马铃薯在保障世界粮食安全、促进乡村振兴、调整种植业结构和农业产业转型升级中起着至关重要的作用,而由致病疫霉[*Phytophthora infestans*(Mont.)de Bary]引起的晚疫病是马铃薯生产中最具毁灭性的病害,严重制约了马铃薯产业发展[1-2]。为有效防治马铃薯晚疫病,培育和使用抗病品种成为一种更好的选择[3-4]。西南山区是我国最大的马铃薯产区,该区域地形地貌复杂多样,冷凉、多雨、高湿的气候环境导致该区域成为马铃薯晚疫病的重灾区。为促进当地马铃薯产业升级,华中农业大学、中国农业科学院蔬菜花卉研究所、中国南方马铃薯研究中心、云南省农业科学院经济作物研究所

收稿日期:2025-04-10;**修回日期:**2025-05-07

基金项目:湖北省自然科学基金联合项目(2023AFD064);国家现代农业产业技术体系专项(CARS-09)

作者简介:肖春芳,女,高级农艺师,从事马铃薯病虫草害防控及抗性育种研究。E-mail:xiaochunfang22@163.com

通信作者:高剑华,男,高级农艺师,从事马铃薯高产栽培及病虫草害防控研究。E-mail:80538373@qq.com

等国内马铃薯育种团队先后选育和引进了一系列抗病的优质马铃薯新品种，如早期国家主导品种鄂马铃薯 3 号等。随着种植年限的延长抗性逐渐降低，有些主栽品种如青薯 9 号、希森 6 号等在不同产区抗性不明确，如何对主栽品种进行系统抗性评价显得尤为重要。不同生态环境存在的病原菌种类可能有所差异，会直接或间接导致不同的马铃薯基因型反应，产生可变的基因型排序；相同马铃薯品种在不同环境的表现也可能不同。为较好把控不同马铃薯品种在不同环境下的表现情况，笔者以西南山区 10 个主栽马铃薯品种为研究对象，在室内接种鉴定的基础上，利用连续 2 年的时间在恩施 3 个生态地区，采用大田自然发病法进行马铃薯晚疫病抗性评价，厘清品种间的抗性差异，结合病害鉴定和产量性状筛选出具有稳定抗性的高产品种，为抗病性评价和生产中品种合理布局及晚疫病防控提供参考建议。

1　材料与方法

1.1　材料

参试马铃薯品种共 10 个，均为鲜食类型。其中，米拉（MA）于 1956 年从德国引入我国，费乌瑞它（FA）于 1981 年从荷兰引入我国，中薯 5 号（Z5）由中国农业科学院蔬菜花卉研究所育成，青薯 9 号（Q9）由青海省农林科学研究院育成，希森 6 号（X6）由乐陵希森马铃薯产业集团有限公司育成，鄂马铃薯 5 号（E5）、鄂马铃薯 10 号（E10）、鄂马铃薯 12（E12）、鄂马铃薯 13（E13）和鄂马铃薯 14（E14）由湖北恩施中国南方马铃薯研究中心育成。所有材料均来源于湖北省马铃薯种质资源库。

1.2　试验设计

随机区组排列，3 次重复，小区面积 6.66 m^2，播种 4 行，每行 10 株，株距 30 cm，行距 40 cm。种薯均为不带病、已通过休眠且生理状态较好、大小中等的原种。在试验区四周种植诱发品种，持续提供马铃薯晚疫病菌源，大田自然发病。在整个马铃薯生长季不防治晚疫病，全部农事操作保持一致。

试验地点设在湖北省恩施州恩施市不同海拔马铃薯产区。其中，2019 年（Y1）设置 3 个点：恩施市阳鹊坝村（30°32′47″N，109°53′26″E，低山，海拔 540 m，代号 YQB），1 月 22 日播种，6 月 12 日收获；恩施市天池山（30°20′14″N/109°38′58″E，二高山，海拔 1150 m，代号 TCS），2 月 2 日播种，7 月 16 日收获；恩施市陈家垭村（30°15′51″N，109°80′35″E，高山，海拔 1590 m，代号 CJY），3 月 18 日播种，7 月 30 日收获；2020 年（Y2）继续选择 2 个点：YQB，前茬玉米，1 月 12 日播种，6 月 15 日收获；TCS，1 月 29 日播种，7 月 15 日收获。

在马铃薯晚疫病发生后每周调查发病情况，每小区调查马铃薯全部叶片，直到感病品种达到 9 级，Y1 不同试验点中心病株出现时间分别为 4 月 19 日（YQB）、5 月 14 日（TCS）和 5 月 24 日（CJY），Y2 不同试验点中心病株出现时间分别为 4 月 23 日（YQB）和 5 月 10 日（TCS）。以中心病株出现后每次调查的天数（式中用 t 表示）和每次调查时感病叶片的百分比（式中用 y 表示）为基础，计算不同品种的病害发展曲线的面积（area under disease process curve，AUDPC），相对 AUDPC（rAUDPC）由 AUDPC 转换得到，最大值为 1。以 rAUDPC 值为参照划分为 7 个抗性等级，rAUDPC=0 为免疫，0＜rAUDPC＜0.1 为高抗；0.1≤ rAUDPC＜0.2 为抗；0.2≤ rAUDPC＜0.3 为中抗；0.3≤ rAUDPC＜0.4 为中感；0.4≤ rAUDPC ＜0.5 为感；rAUDPC≥0.5 为高感。

$$\mathrm{AUDPC}=\sum_{i=1}^{n-1}\left(\frac{y_i+y_{i+1}}{2}\right)(t_{i+1}-t_i)$$

$$\mathrm{rAUDPC}=\frac{\mathrm{AUDPC}}{(t_n-t_1)\times 100}。$$

1.3　致病疫霉优势生理小种田间鉴定

选择不含抗病基因 *R0* 和含主效抗病基因 *R1~R11* 的马铃薯晚疫病标准鉴别寄主共 12 种，利用其脱毒试管苗在 MS 培养基上进行培养，选取 5 叶龄组培苗移到水培温室进行扦插快繁，10 d 后生根形成水培壮苗，再移栽到不同海拔生态地区的马铃薯田块，每个鉴别寄主设置 3 次重复，每个重复移栽 15 株。在田间马铃薯晚疫病流行期，以 *R0* 植株发病为对照，调查马铃薯鉴别寄主 *R1~R11* 的发病情况。根据某种抗病基因 R 鉴别寄主发病对应某种 r 病菌小种种类的原则，记录马铃薯晚疫病病菌的生理小种类型。

1.4　数据分析

采用 WPS 统计不同年份和试验点的数据，分别利用 DPS 15.14 软件和 Genstat 19 软件对数据进行统计和 GGE 双标图分析，其中相关性选用 Pearson 线性关系分析。

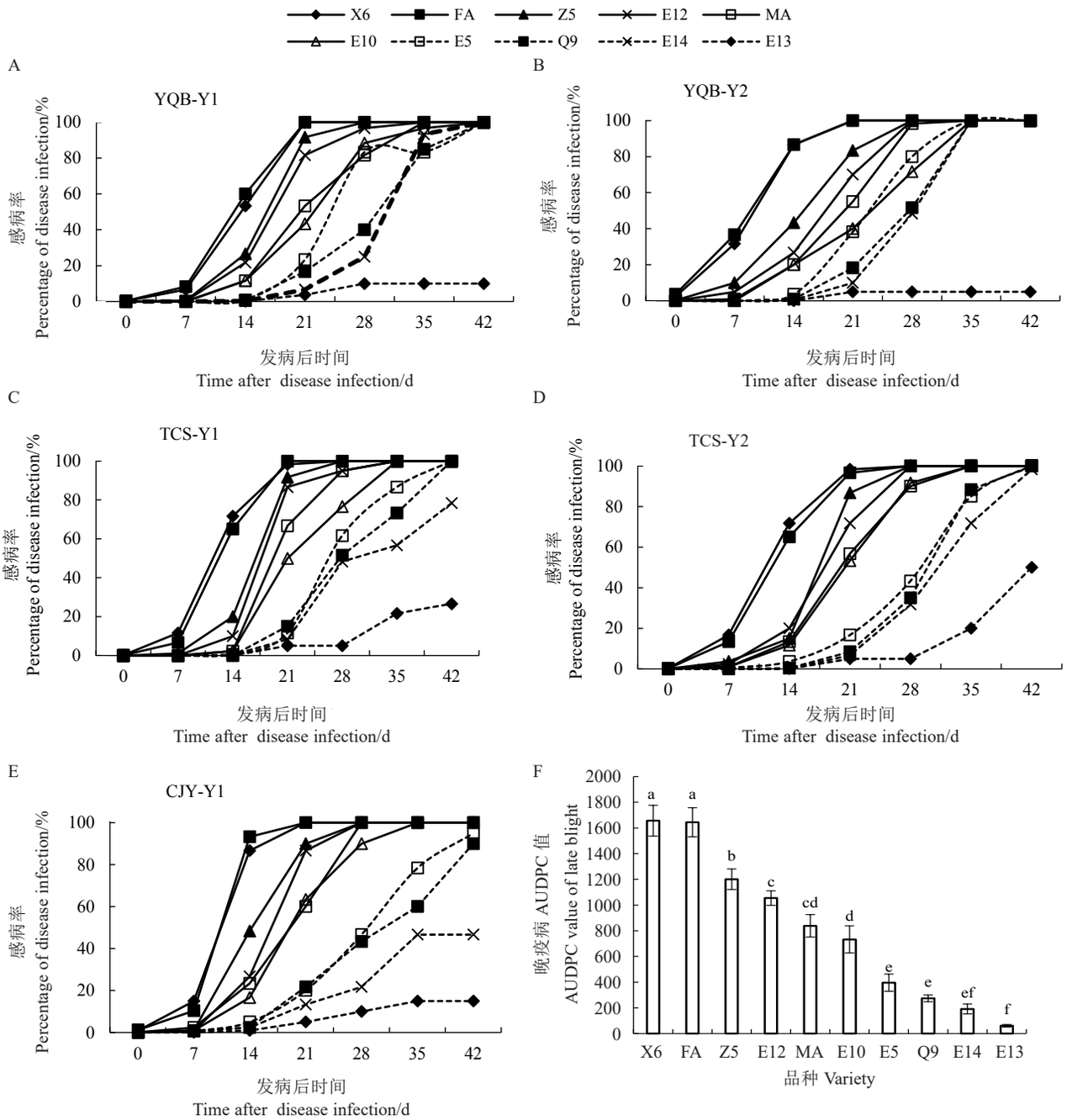
2　结果与分析

2.1　马铃薯品种的田间抗性鉴定

通过连续两年在不同海拔生态地区开展马铃薯晚疫病田间抗性鉴定，结果由图 1 所示，5 个试验

点的马铃薯晚疫病流行期在田间中心病株出现后42 d内，10个参试马铃薯品种在不同试验点的发病程度和流行趋势相似，随着时间的推移，病害逐渐加重。其中，阳鹊坝点（YQB）连续两年的发病曲线基本一致，天池山点（TCS，Y1-Y2）和陈家垭点（CJY，Y1）的发病曲线基本一致。

X6和FA两个品种的晚疫病发生时间最早，发生程度最严重，在5个试验点均于发病后21 d叶片病斑面积占比接近或达到100%，表现为植株基本枯死。Z5在3个试验点（Y1）的发病时间晚于X6和FA，在感病后28 d感病叶面积占比达到100%；在2个试验点（Y2）的发病时间与X6和FA相同，但发病程度相对较轻、流行速度相对较慢，于发病后28 d感病叶面积占比为100%。E12在5个试验点的发病时间与Z5相同，但发病程度轻于Z5，于中心病株发生后28~35 d病斑面积占比达到



注：不同小写字母表示在0.05水平差异显著。下同。

Note: Different small letters indicate significant difference at 0.05 level. The same below.

图1　不同马铃薯品种在5个试验点的晚疫病发生情况

Fig. 1　Late blight occurrence of different potato varieties in five regions

100%。MA 在 5 个试验点的发病程度轻于 E12，发病时间略晚，在中心病株发生后 28~35 d 感病叶面积占比达到 100%。E10 的发病时间与 MA 相同，在低海拔 YQB 点（Y1）于中心病株发生后 42 d 感病叶面积占比达到 100%，在低海拔 YQB 点（Y2）在高海拔 TCS 点（Y1-Y2）和 CJY 点（Y1）于中心病株发生后 35 d 感病叶面积占比达到 100%。Q9 和 E5 的发病情况基本一致，发病时间晚于 E10，发病程度比 E10 相对较轻，除了阳鹊坝点（Y2）外，两个品种在其他 4 个试验点于中心病株发生后 42 d 感病叶面积占比均达到 100%。E14 的发病时间与 Q9 相同，于中心病株发生后 42 d，仅在低海拔 YQB 点（Y1-Y2）的叶片感病面积占比为 100%，其他 3 个试验点均未达到。E13 的发病时间最晚，且发病程度最轻，特别是在低海拔 YQB 点（Y1-Y2）的病害流行期叶片病斑面积占比最高仅为 10%，其他 3 个试验点的最高感病面积占比不超过 50%。

5 个试验点不同马铃薯品种的 AUDPC 值比较结果显示，X6 和 FA 最高，相互之间差异不显著，但显著高于其他品种；Z5 的 AUDPC 值次之，与其他品种之间差异显著；接着依次是 E12、MA 和 E10，E12 与 MA 之间、MA 和 E10 之间无显著差异，但均与其他品种差异显著；E5、Q9 和 E14 的 AUDPC 值相对较低，三者之间差异不显著；E13 的 AUDPC 值最低，除了与 E14 无显著差异外，显著低于其他 8 个品种（图 1-F）。

由表 1 可知，综合 5 个试验点的相关数据，以 rAUDPC 值为切入点，10 个马铃薯品种对晚疫病的田间抗性程度表现为：X6 和 FA 为高感，Z5 为感病，E12 和 MA 为中感，E10 为中抗，E5 和 Q9 为抗病，E14 和 E13 为高抗。

对马铃薯不同品种在 5 个试验点的病害数据进行了整理分析，双标图的整体拟合度为 99.57%（图 2）。以原点为中心，将位于最外围的 5 个马铃薯品种连接成 1 个五边形，通过圆心分别向 5 条边作垂线，1 个多边形分成了 5 个扇形区，相同扇形区域的不同试验点生态区域相似，不同扇形区域的试点则存在生态差异，从图中发现，5 个试点分成了 2 组，其中，YQB-Y1 和 YQB-Y2 在一组，TCS-Y1、TCS-Y2 和 CJY-Y1 在另一组，但这两个生态区域之间存在差异。FA 在 YQB-Y1 和 YQB-Y2 扇形区，表明该品种在此生态区域内的感病性最高；MA、E12、Z5 和 X6 等 4 个参试品种在 TCS-Y1、TCS-Y2 和 CJY-Y1 扇形区，这些品种在对应的生态区均表现出较高的感病性；其他 5 个品种如 E13、E14、Q9、E5、E10 未分布在这两个扇形区，表现出较强的抗病性。

表 1　马铃薯不同品种的田间晚疫病抗性评价

Table 1　Field resistance evaluation of different potato varieties to late blight

指标 Index	希森 6 号 X6	费乌瑞它 FA	中薯 5 号 Z5	鄂马铃薯 12 E12	米拉 MA	鄂马铃薯 10 号 E10	鄂马铃薯 5 号 E5	青薯 9 号 Q9	鄂马铃薯 14 E14	鄂马铃薯 13 E13
rAUDPC 值 rAUDPC value	0.59±0.04 a	0.58±0.04 a	0.43±0.03 b	0.38±0.04 c	0.30±0.03 d	0.26±0.03 e	0.13±0.03 f	0.10±0.02 fg	0.07±0.01 g	0.02±0.00 h
评价等级 Evaluation level	高感 High susceptible	高感 High susceptible	感 Susceptible	中感 Moderate susceptible	中感 Moderate susceptible	中抗 Moderate resistance	抗 Resistance	抗 Resistance	高抗 High resistant	高抗 High resistant

注：不同小写字母表示不同品种间在 0.05 水平差异显著。下同。

Note: Different small letters indicate significant difference among different varieties at 0.05 level. The same below.

2.2　致病疫霉优势生理小种测定

结合马铃薯晚疫病鉴别寄主在田间的自然发病情况，不同海拔生态地区的致病疫霉生理小种类型有所差异，但年份间无变化。其中，低海拔 YQB 的致病疫霉优势生理小种类型为 race3、4、6、7、8、10，高海拔 TCS 与 CJY 的病菌优势小种类型相同，为 race1、3、4、6、7、8、10（表 2）。第一年，低海拔 YQB 地区致病疫霉生理小种虽有 race1 出现，但其

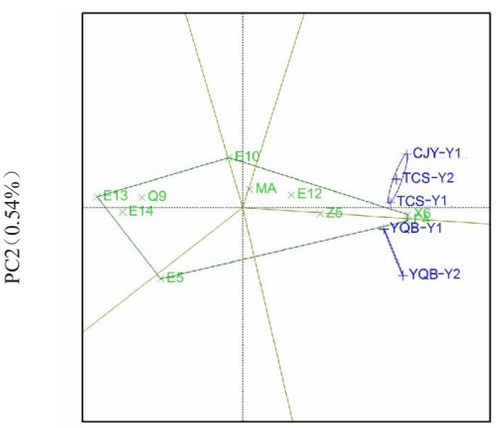


图 2　马铃薯品种对晚疫病的抗性表现与试点的关联分析

Fig. 2　Correlation analysis of late blight resistance of potato varieties and the location distribution

发病率仅为 8.89%，发病率高于 80%的病菌小种类型有 race3、4、6、7、8、10；相比之下，高海拔 TCS 和 CJY 的病原菌生理小种类型多了 race11，两地的平均发病率为 25.56%。第二年，低海拔 YQB 的致病疫霉生理小种类型无明显变化，高海拔 TCS 与第一年相比新出现了生理小种 race5。

表 2　马铃薯晚疫病鉴别寄主的生理小种

Table 2　Physiological rate for identifying hosts of late blight in potato

试验点 Experimental site	数量 No.	生理小种 Physiological race										
		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
阳鹊坝第一年 YQB-Y1	45	4	6	45	45	0	45	45	43	0	43	0
天池山第一年 TCS-Y1	45	43	7	45	45	0	45	45	45	5	45	10
陈家娅第一年 CJY-Y1	45	40	10	45	45	0	45	45	45	0	40	13
阳鹊坝第二年 YQB-Y2	45	16	11	45	45	0	45	45	42	3	45	0
天池山第二年 TCS-Y2	45	45	12	45	45	9	45	45	45	9	45	15

2.3　马铃薯产量性状比较

马铃薯测产结果如图 3 所示，10 个马铃薯品种的产量性状在不同试验点和年份有所区别，但 5 个试验点的平均产量与马铃薯晚疫病抗性鉴定结果基本一致。按产量比较可将马铃薯品种分为两组，一组是产量较高的品种，包括 E13、E14、Q9 和 E5；另一组是产量较低的品种，包括 X6、FA、Z5、E12、MA 和 E10。每组内相互之间差异不显著，但两组之间呈显著差异（图 3）。

对马铃薯不同品种在 5 个试验点的产量数据进行分析，双标图的整体拟合度为 96.07%（图 4）。5 个试验点分成了 3 组，其中，YQB-Y1 和 YQB-Y2 在同一组，该生态区域产量较高的品种有 E5、Q9 和 E14；TCS-Y2 和 CJY-Y1 在同一组，E13 为该生态区域产量最高的品种；TCS-Y1 单独一组。

通过对马铃薯晚疫病调查和产量进行关联分析（表 3），发现马铃薯品种室内接种的病情指数和田间

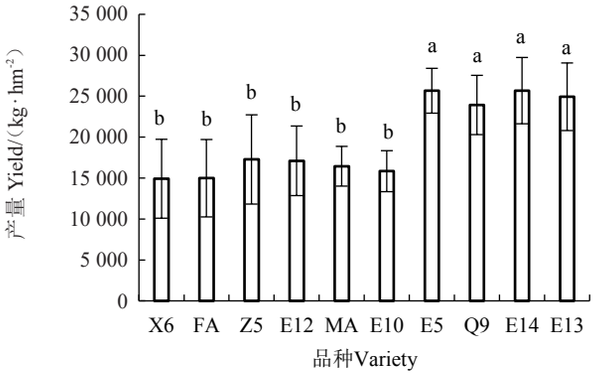


图 3　不同马铃薯品种的产量表现

Fig. 3　Yield performance of different potato varieties

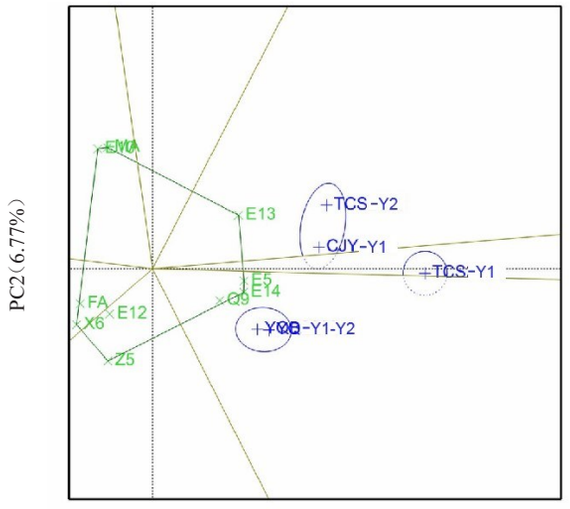


图 4　马铃薯品种的产量表现与试点的关联分析

Fig. 4　Correlation analysis of yield performance of potato varieties and the location distribution

AUDPC 值呈极显著正相关，两个指标均随着病情级别的升高而增加，但与产量均呈极显著负相关。

3　讨论与结论

通过田间自然发病抗性评价，发现 10 个马铃薯主栽品种对致病疫霉的抗性程度存在差异，表现出高感到高抗的不同抗性水平。马铃薯晚疫病的发生与流行除了受寄主抗性影响外，还与病原菌种类和数量及温度、湿度等环境因子密切相关。笔者通过设置马铃薯晚疫病标准鉴别寄主，筛选出低海拔 YQB 的病菌优势生理小种类型为 race3、4、6、7、8、10，高海拔 TCS 与 CJY 的病菌优势小种类型为

表3　晚疫病评价指标和产量相关性分析

Table 3　Correlation analysis between late blight evaluation index and yield

指标 Index	病情指数 Disease index	AUDPC值 AUDPC value	产量 Yield
病情指数 Disease index	1	0.99**	−0.91**
AUDPC值 AUDPC value	0.99**	1	−0.90**
产量 Yield	−0.91**	−0.90**	1

注：**表示在0.01水平极显著相关。

Note: ** represent extremely significant correlation at 0.01 level.

race1、3、4、6、7、8、10，综合分析恩施地区的致病疫霉优势小种为race1、3、4、6、7、8、10。随着马铃薯晚疫病菌的不断进化，有必要将 *Rpi-chc1*、*Rpi-sto1*、*Rpi-pta1* 及 *Rpi-blb1*、*Rpi-blb3* 等新的 *R* 基因加入鉴定体系，未来研究中应继续加强对晚疫病病菌生理小种和无毒基因的跟踪监测，将对晚疫病的科学防控具有指导意义[5]。表型鉴定作为植物抗性评价的重要前提，在水稻、玉米、小麦等农作物抗病鉴定和生产中得到了广泛应用。在前人的研究中，费乌瑞它经长期、多地的晚疫病抗性筛选鉴定，被公认为是高感品种[4, 6]。刘勋等[7]通过室内接种和田间试验，鉴定出米拉和鄂马铃薯10号均对晚疫病表现中感，利用室内离体叶片和成株接种双重方法鉴定出青薯9号为中抗晚疫病[8]，这与本研究在室内或田间的鉴定结果基本一致。此外，笔者筛选出的相对抗病品种如鄂马铃薯14、青薯9号、鄂马铃薯13和鄂马铃薯5号，经分子标记检测发现含有抗病相关的 *R3b* 基因或 *R8* 基因[9-10]，本研究鉴定结果对鄂西南山区马铃薯品种优化布局和晚疫病绿色防控具有重要参考作用。

通过DPS统计学软件分析的结果显示，马铃薯品种的病情指数和病害AUDPC值呈极显著正相关，但两者与产量均呈极显著负相关。前人发现作物感染病害后，在适宜的温湿度条件下，病害程度逐渐加重，病情指数和AUDPC值明显上升，但与产量之间呈负相关[11-12]，这与本研究中马铃薯晚疫病抗性和产量的结果相符合，相对感病品种X6、FA、Z5、E12、MA和E10的产量显著低于相对抗病品种E13、E14、Q9和E5。目前，GGE双标图已在水稻[13]、小麦[14-15]和蚕豆[16]等农作物品种或抗病性试验中得到应用，以此来分析多个品种的丰产性和稳产性及基因型与产量之间的关系。综合5个试验点的马铃薯晚疫病和产量指标，双标图整体拟合度都较高，说明不同生态病圃具备马铃薯晚疫病发生和流行的自然条件，可以有效评价品种抗病性。筛选出抗病性较强的马铃薯品种和了解马铃薯品种在不同环境不同地点的抗性稳定情况，对未来抗病基因利用及抗病育种和病害综合治理尤为重要。

综上所述，10个马铃薯主栽品种对致病疫霉的抗性程度存在差异，其中鄂马铃薯13具有抗病稳定性好、环境适应性强和产量指标高的优势。相关性分析结果表明，马铃薯品种的发病程度与产量呈极显著负相关。利用马铃薯晚疫病标准鉴别寄主，筛选出恩施不同地区的致病疫霉优势小种为race1、3、4、6、7、8、10。研究结果为湖北恩施地区抗晚疫病马铃薯品种的推广与晚疫病科学防治提供了参考依据。

参考文献

[1] BIRCH P R J，BRYAN G，FENTON B，et al. Crops that feed the world 8：Potato are the trends of increased global production sustainable[J]. Food Security，2012，4(4)：477-508.

[2] 谢从华，柳俊. 中国马铃薯引进与传播之辨析[J]. 华中农业大学学报，2021，40(4)：1-7.

[3] VLEESHOUWERS V G A A，RIETMAN H，KRENEK P，et al. Effector genomics accelerates discovery and functional profiling of potato disease resistance and *Phytophthora infestans* avirulence genes[J]. PLoS One，2008，3(8)：e2875.

[4] XIAO C F，HUANG M L，GAO J H，et al. Comparative proteomics of three Chinese potato cultivars to improve understanding of potato molecular response to late blight disease[J]. BMC Genomics，2020，21(1)：880.

[5] 安康，李小波，索海翠，等. 我国马铃薯晚疫病菌群体结构研究进展[J]. 广东农业科学，2018，45(3)：99-106.

[6] 刘甜甜，秦玉芝，林丽婷，等. 马铃薯种质资源的晚疫病抗性评价[J]. 分子植物育种，2018，16(4)：1289-1293.

[7] 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[J]. 植物遗传资源学报，2019，20(3)：538-549.

[8] 李华青，王芳，王舰. 马铃薯种质资源室内接种晚疫病的抗性鉴定[J]. 分子植物育种，2020，18(8)：2728-2735.

[9] 蒋伟，潘哲超，包丽仙，等. 马铃薯资源晚疫病抗性的全基因组关联分析[J]. 作物学报，2021，47(2)：245-261.

[10] 李余良，熊婷. 甜玉米品种区域试验产量和试点环境的GGE双标图分析[J]. 玉米科学，2022，30(3)：47-53.

[11] JIANG R，LI J C，TIAN Z D，et al. Potato late blight field resistance from QTL *dPI09c* is conferred by the NB-LRR gene *R8*[J]. Journal of Experimental Botany，2018，69(7)：1545-1555.

[12] 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[J]. 中国马铃薯，2021，35(1)：9-18.

[13] 王磊，程本义，鄂志国，等. 基于GGE双标图的水稻区试品种丰产性、稳产性和适应性评价[J]. 中国水稻科学，2015，29(4)：408-416.

[14] CAO X R，YAO D M，DUAN X Y，et al. Effects of powdery mildew on 1000-kernel weight，crude protein content and yield of winter wheat in three consecutive growing seasons[J]. Journal of Integrative Agriculture，2014，13(7)：1530-1537.

[15] 孙宪印，米勇，王超，等. 基因型和环境及其互作效应对旱肥地小麦产量性状的影响[J]. 分子植物育种，2021，19(17)：5899-5908.

[16] 喻敏博，张贵，侯璐，等. 青海省34份蚕豆资源抗赤斑病性评价分析[J]. 分子植物育种，2021，19(13)：4504-4516.