

王安,吴薇,谢吉先,等. 地膜覆盖模式下芋头疫病发生规律及其与产量的关系[J]. 江苏农业科学,2016,44(6):193-196.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2016.06.052

地膜覆盖模式下芋头疫病发生规律及其与产量的关系

王安¹,吴薇¹,谢吉先²,焦庆清¹

(1. 江苏省农业科学院泰州农科所,江苏泰州 225300; 2. 江苏省泰兴市旱地作物研究所,江苏泰兴 225433)

摘要:由疫霉属真菌引起的芋头疫病是限制芋头产量的关键因素之一。以泰兴香荷芋为材料,设置不同地膜颜色及厚度 10 个处理,研究不同地膜覆盖处理下芋头疫病发生规律及其产量表现。研究结果表明,芋头疫病病情指数在不同处理间达到显著差异($P < 0.05$),D4、D7、D9 这 3 个处理疫病病情指数均超过 40,均显著高于其他各处理,表现为感病,D1、D2、D8 的病情指数分别为 26.21、26.35、26.50,表现为抗性;各处理间在倒一叶、倒二叶上疫病病级无显著差异,而在倒 3 叶上则有显著差异,叶位间疫病严重程度为:倒三叶 > 倒二叶 > 倒一叶;不同处理间芋头产量差异性较大,变幅为 8 441(D10)~15 758 kg/hm²(D3);芋头病情指数与产量间的相关系数为 -0.723,两者相关性达到极显著($P < 0.01$)。

关键词:芋头;疫病;产量

中图分类号: S436.32 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2016)06-0193-03

疫病是由疫霉属真菌(*Phytophthora*)引起的植物病害^[1],它是芋头生长过程中最严重的病害之一^[2]。该病菌可以从植物的自然孔口或伤口侵入,在芋头感病早期表现为叶片病斑,褐色或黄褐色,后期斑面上常长出白色霉状物(孢子囊及孢囊梗)及蜜黄色溢滴液,造成病叶干枯、破裂和穿孔,组织脱落,仅残留叶脉^[3]。在田间主要通过气流、雨水和灌溉水传播,由于病程短,再侵染发生频繁,在多雨潮湿的条件下疫病流行速度特别快。疫病在全世界广泛分布,高温、高湿地区尤其猖獗,全球每年芋头产量因疫病造成减产 20%~30%,严重年份可达 50% 以上^[4-5]。在我国,疫病已成为芋头持续高产稳产的严重障碍,在长江中下游等雨水分布较多的地区发病尤为严重。由于疫霉属真菌存在生理分化现象,具有许多不同的生理小种,再加上连续阴雨天气,疫病防治工作一直是芋头生产中的一大难题。

一直以来,研究者通过选育芋头抗病品种作为防治疫病的主要手段^[4,6],而在栽培方式对芋头疫病防治方面缺乏研究。目前,地膜覆盖是芋头大面积种植中应用比较广的栽培方式之一,关于地膜覆盖对芋头产量的研究报道有很多^[7-9],而地膜覆盖条件下芋头疫病的发生与其抗性特征至今没有报道过。为此,本研究以香荷芋为材料,通过研究不同地膜处理下芋头疫病的发生规律,进而揭示地膜覆盖模式对芋头疫病防治机制,以期为实现芋头稳产高产提供参考。

1 材料与方法

收稿日期:2016-02-03

基金项目:江苏省农业科技自主创新资金[编号:CX(13)3025];江苏省农业三新工程项目(编号: SXGC[2015]252)。

作者简介:王安(1988—),男,江苏连云港人,硕士,助研,主要从事特粮特经作物品种选育及其高效配套技术研究。E-mail: wangan_863@foxmail.com。

通信作者:焦庆清,硕士,副研究员,主要从事特粮特经作物新品种、新技术研究与开发应用研究。E-mail: mtjq@163.com。

1.1 试验设计

江苏省泰兴市农科所基地为试验点,该地区海拔在 4~8 m,年平均气温在 14.4~15.1℃之间,年平均降水量 1 000 mm 左右,降水主要集中在 7—9 月。土壤主要以沙土为主,地势平坦,排灌良好,肥力中等均匀。前茬水稻,收获后秸秆全量粉碎还田,冬季耕翻压草冻垡。2014 年 3 月 8 日撒施有机复合肥 4 500 kg/hm²,高钾复合肥 900 kg/hm²,同时按表 1 方案进行设置。试验采用随机区组排列,重复 3 次,小区面积为 13.68 m²,小区间隔 40 cm。垄宽为 100 cm,高 20 cm,垄面宽 60 cm,密度为 52 620 株/hm²,四周设置保护行。4 月 4 日播种芋头,播种方式为穴播。其中,白色地膜覆盖小区播完种芋后覆上地膜,黑膜地膜覆盖小区覆膜后破膜播种芋。4 月 20 日灌水抗旱,5 月 6—8 日陆续出苗,白膜小区选择晴天早晨或下晚及时放苗,5 月 15—18 日陆续齐苗,5 月 25 日查苗补缺。5 月 21 日、6 月 25 日、7 月 20 日、8 月 23 日 4 次人工拔除田间杂草,7 月 22 日、8 月 10 日进行培土及压边荷。8 月 22 日对疫病进行统计调查,11 月 8 日收获并计算各小区芋头子孙芋产量。

表 1 不同处理地膜颜色及厚度编号

处理	地膜颜色	地膜厚度(μm)
D1	黑色	15
D2	黑色	20
D3	黑色	30
D4	白色	6
D5	白色	15
D6	白色	20
D7	白色	30
D8	无	
D9	黑色	30
D10	无	

注:D1~D8 处理土壤耕作方式为旋耕,D9、D10 处理耕作方式为平作。

1.2 疫病抗性鉴定

芋头疫病主要侵害叶片、叶柄及球茎。芋头疫病的抗性鉴定一般采用自然诱发鉴定,本病主要流行于降雨多发时期,鉴定部位主要以叶片为主,根据发病情况,将病情分为以下级别:0级,无病症;1级,零星坏死斑;2级,坏死面积不超过叶面积1/4;3级,坏死面积占叶面积的1/4~1/3;4级,坏死面积占叶面积的1/3~2/3;5级,坏死面积占叶面积的2/3以上。计算病情指数,公式为:

$$DI = \sum (S_i n_i) / 5N \times 100\%。$$

式中: DI 为病情指数; S_i 为发病级别; n_i 为相应发病级别的株数; i 为病情分级的各个级别; N 为总株数。

种质群体对疫病的抗性依病情指数分5级:1为高抗(HR)($DI \leq 10$)、3为抗病(R)($10 < DI \leq 25$)、5为中抗(MR)($25 < DI \leq 40$)、7为感病(S)($40 < DI \leq 65$)、9为高感(S)($65 < DI$)。

8月18日芋头田出现疫病,8月22日疫病病害达到高峰,当日对芋头疫病严重程度进行调查,每个小区随机取样5株,根据叶片疫病发生面积对芋头全部叶片进行病害分级,并计算病情指数。并对倒一、倒二、倒三叶片疫病病级及叶片面积进行测量与分析,叶片面积采用公式 $A = L \times W \times 0.75$ 。其中 A 代表叶片面积, L 代表叶片长度, W 代表叶片宽度。

1.3 数据分析

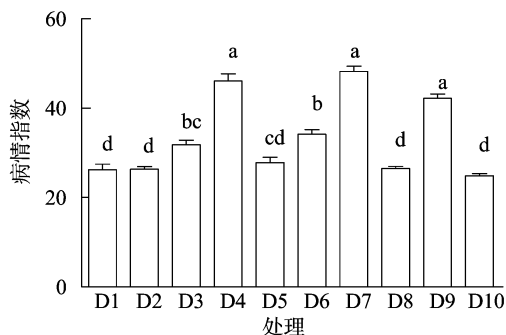
采用Excel 2007对疫病数据进行一般统计量分析,采用GraphPad Prism 5对疫病病级进行 F 测验,并对其进行Waller-Duncan新复极差法多重比较。

2 结果与分析

2.1 芋头疫病在不同处理间的抗性表现

病情指数是衡量芋头疫病的主要指标之一,对芋头生长具有重要的指示作用。试验结果(图1)表明:D10处理芋头疫病病情指数最低,为24.85,表明该处理小区芋头种群对疫病表现为抗病(R),但还没有达到高抗(HR);D1、D2、D8与D10相比,病情指数无显著差异($P > 0.05$),但这3个处理病情指数分别为26.21、26.35、26.50,均属于中抗水平(MR)。D3、D6这2个处理群体病情指数 DI 分别为31.84、34.17,对疫病表现亦为中抗,但这2个处理病情指数与D1、D2、D8、

D10有显著差异($P < 0.05$)。另外,D4、D7、D9这3个处理芋头群体对疫病的抗性表现为感病(S)($40 < DI \leq 65$),且这3个处理的病情指数与其他各处理相比,均有显著差异($P < 0.05$)。从整体看,黑膜覆盖处理下(D1~D3)芋头群体对疫病的抗性较大,而D9黑膜处理对芋头疫病表现为感病,其可能原因是疫病寄主的抗性受到多种因素的干扰,包括地上部菌量多少、土壤温度、湿度等外在环境;白膜覆盖处理(D4、D7)芋头群体对疫病较为敏感,表现出一定的感病性。



不同小写字母表示在5%水平差异显著,下同

图1 不同地膜覆盖处理对芋头疫病病情指数的影响

2.2 叶位置疫病扩展差异性分析

不同地膜覆盖芋头倒三叶疫病级别特征分析结果(图2)表明:整体而言,疫病在芋头倒一叶的扩展表现为无病症或有零星坏死斑点,各处理间疫病病级无显著差异($P > 0.05$)。其中,D1、D5、D8这3种地膜覆盖模式下植株倒1叶(新叶)没有出现疫病;在倒二叶上,各处理芋头疫病均有小面积感染,疫病侵染面积均低于叶片总面积的1/3,其病级变幅在1.2(D4)~2.6(D7),各处理间疫病病级没有显著差异;疫病在倒三叶上的抗性表现有很大差异性,方差分析表明处理间疫病病级达到极显著差异($P < 0.01$),其中,病级最高的为D4,为4.8,几乎所有叶面积均出现坏死,病级最小的是D1,其大小为1.6。另外,从图2可以看出,叶位置对芋头疫病表现也有一定影响,叶位置疫病侵染严重程度为:倒三叶>倒二叶>倒一叶,可能原因是芋疫霉菌寄主中心区位于植株下半部老叶区,随着叶位的上升,疫病病级逐步减小。

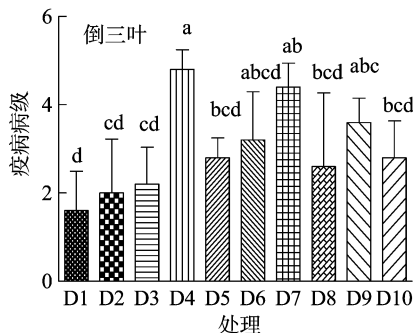
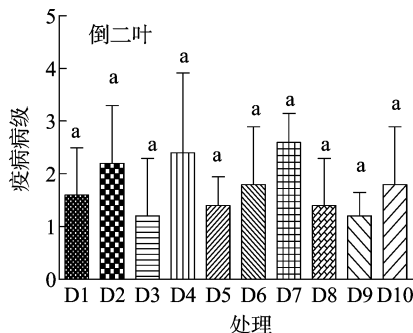
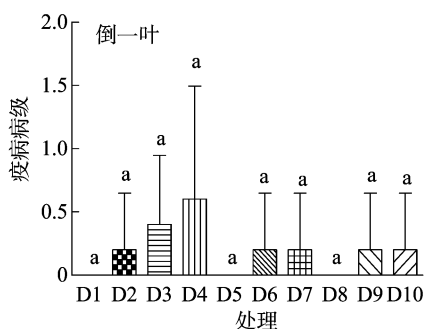


图2 不同地膜处理下倒3叶疫病病级分布

2.3 不同处理芋头子孙芋产量表现

不同处理小区芋头子孙芋产量结果(图3)表明:不同处理间小区芋头产量差异性较大,变幅为8441(D10)~15758 kg/hm²(D3)。D2、D3和D9小区芋头产量分别为

14248、15758、14360 kg/hm²,这3个黑膜覆盖处理芋头产量均显著高于白膜覆盖处理(D4~D7)及无地膜处理(D8、D10)($P < 0.05$),表明黑膜处理能显著提高芋头产量。黑色地膜处理间(D1~D3、D9)芋头产量无显著差异($P > 0.05$),

表明黑膜不同厚度对芋头产量的影响较小,而在白膜覆盖处理间,D4、D5、D7处理小区芋头产量依次降低,分别为11 802、11 234、10 402 kg/hm²,表明芋头产量随着白膜处理厚度的增加而下降,可能原因是白膜厚度的增加会导致土壤温度的升高,进一步导致土壤含水量的下降,从而引起芋头植株产量表现受抑制。露地处理下(D8、D10)芋头产量最低,表明无地膜覆盖不利于芋头产量的提高。

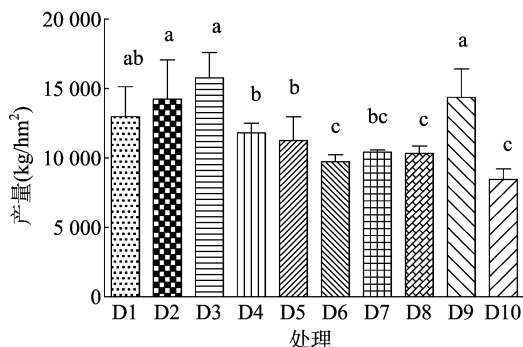


图3 不同地膜处理间小区芋头产量表现

2.4 芋头疫病病情指数与子孙芋产量的相关性分析

对芋头疫病病情指数与子孙芋产量进行的相关性分析(图4)表明:芋头病情指数与产量间的相关系数为-0.722,两者相关性达到极显著水平($P < 0.01$),表明芋头疫病病情指数与产量为极显著负相关,病情指数越高,产量越低。由产量和病情指数的回归曲线 $y = -244.5x + 20089$ 可知,当疫病病情指数低于40时,芋头子孙芋产量较高,高达11 000 kg/hm²,而当病情指数高于50时,子孙芋产量则低于8 800 kg/hm²,表明疫病病害越重,产量越低。

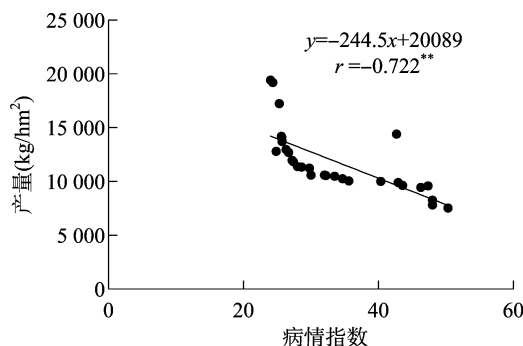


图4 芋头疫病病情指数与产量相关性分析

3 讨论

芋头疫病在我国长江中下游地区分布较为广泛,该地区每年6—8月月平均降水量高于150 mm,日平均温度高于25.5℃。温和湿润的环境为疫病的发生、流行创造了自然条件。在此环境下,疫病病菌的前体孢子囊借助风雨传播,产生芽管或游动孢子侵袭芋头植株,后又在病部产生孢子囊进行再侵染。芋霉病菌侵袭芋头是一个受多因素影响的复杂过程,该过程受到田间菌源量、品种抗性、田间小气候、栽培管理措施等多种因素的影响。在芋头疫病抗性鉴定方面,国际上的研究报道有很多^[10-12],而在国内相关的研究报道较少。莫俊杰等于2011年及2012年对63个芋头品种的疫病抗性鉴定及其不同品系遗传多样性进行分析,发现不同品系间抗病

性差异显著,广州-2、江门-2、湛江-5等6个品系对疫病表现为抗病,而潮州-1、惠州-1、惠州-2等42个品系对疫病表现为感病,占总数的66.7%^[13]。

目前,国内研究者研究的主要方向为芋头疫病的药物防治。例如,朱敦军在50%烯酰吗啉水分散粒剂防治芋头疫病药效试验中发现,采用剂量为1 000倍液,作物生长周期内使用3~4次,间隔为5~6 d,对芋头疫病有很好的控制作用^[14];马建芳等通过不同药剂试验筛选出25%双炔酰菌胺悬浮剂对芋头疫病的防效最好,显著优于氟菌·霜霉威等药剂^[15]。然而,由于药剂的使用会对环境、人体产生危害,因此对芋头疫病的防治还应注重其他防治措施。由于疫病病害受到田间连作、低洼、排水不良、通风透光不良等栽培措施的影响^[16],而目前在这些方面的研究还比较缺乏。因此,本研究以地膜覆盖模式为切入点,重点分析了不同地膜覆盖处理下芋头疫病的发病规律,针对倒一、倒二、倒三叶的疫病病级的病情特征进行了较为详细的研究,并对其与芋头子孙芋产量进行了相关性分析,这是本研究的一大创新点。当然,本研究仅仅是对1年间芋头疫病发生规律的研究,还需对其进行多年间的试验研究,以得到稳定可靠的数据结果,这将是下一步的工作重点。

参考文献:

- [1] van der Plank J E. Plant diseases: epidemics and control [M]. Amsterdam, Netherlands: Elsevier, 2013.
- [2] Pillai S V, Tkankappan M. Breeding for leaf blight resistance in taro - problems and prospects [J]. Journal of Root Crops, 1991, 3: 57-61.
- [3] 王德旭. 芋头疫病识别及防治 [J]. 植物医生, 1995, 1(8): 16.
- [4] Sahoo M R, Das Gupta M, Kole P C, et al. Antioxidative enzymes and isozymes analysis of taro genotypes and their implications in *Phytophthora* blight disease resistance [J]. Mycopathologia, 2007, 163(4): 241-248.
- [5] Misra R S, Sharma K, Mishra A K. *Phytophthora* leaf blight of taro (*Colocasia esculenta*) - a review [J]. The Asian and Australasian Journal of Plant Science and Biotechnol, 2008, 2: 55-63.
- [6] Sahoo M, Sahu S, Mukherjee A, et al. *In vitro* screening of taro genetic resources for tolerance to biotic and abiotic stresses [J]. Plant Resources Utilization, 2002, 4: 241-248.
- [7] Miyasaka S C, Hollyer J R, Kodani L S. Mulch and compost effects on yield and corm rots of taro [J]. Field Crops Research, 2001, 71(2): 101-112.
- [8] Pardales Jr J R. Effect of mulch application and planting depth on growth, development and productivity of upland taro (*Colocasia esculenta*) [J]. Annals of Tropical Research, 1985, 7: 27-38.
- [9] Asghar M, Fernando L H, Kaye A, et al. Effects of mulch, manure and fertilizer on taro [*Colocasia esculenta* (L.) Schott] production at Alafua, Western Samoa [J]. Alafua Agricultural Bulletin, 1985, 10(2): 37-46.
- [10] Brooks F E. Detached - leaf bioassay for evaluating taro resistance to *Phytophthora colocasiae* [J]. Plant Disease, 2008, 92(1): 126-131.
- [11] Jackson G V H, Gollifer D E, Newhook F J. Studies on the taro leaf blight fungus *Phytophthora colocasiae* in Solomon Islands: Control by fungicides and spacing [J]. Annals of Applied Biology, 1980, 96

王伟舵,刘永锋. 中国稻瘟病菌遗传多样性研究进展[J]. 江苏农业科学,2016,44(6):196-198.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2016.06.053

中国稻瘟病菌遗传多样性研究进展

王伟舵,刘永锋

(江苏省农业科学院植物保护研究所,江苏南京 210014)

摘要:在农业生产实际过程中,水稻抗病品种常常缺少对稻瘟病的持续抗性,这是由于稻瘟病菌具有复杂的遗传多样性,在抗病品种的长期定向选择过程中,田间稻瘟病菌的种群遗传结构发生了改变,产生了一些能够克服品种抗性的强致病型菌株。因此,研究稻瘟病菌的遗传结构及其时空动态,掌握水稻种植区的稻瘟病菌遗传变异规律,对水稻抗病品种选育和利用抗病品种布局防治稻瘟病均有重要意义。本文对我国稻瘟病菌遗传多样性研究进展进行了概述。

关键词:稻瘟病菌;遗传多样性;分子标记;中国

中图分类号: S435.111.4⁺¹ **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2016)06-0196-03

稻瘟病是由稻瘟病菌(*Magnaporthe grisea*)引起的水稻生产上的重要病害,在我国各水稻种植区均有发生,对水稻安全生产造成严重影响^[1]。目前选育和利用抗病品种是防治稻瘟病最经济有效的方法^[2]。然而,稻瘟病菌本身具有丰富的遗传多样性和易变异性,在田间极易产生致病性的分化,这也导致一些水稻抗病品种在推广种植3~5年后,抗病性逐渐丧失^[3-4]。因此研究稻瘟病菌的群体遗传多样性,掌握稻瘟病菌群体遗传结构的变化规律,对水稻抗病品种选育及生产上利用抗病品种布局防治稻瘟病均有重要意义。

生物的遗传多样性研究需要合适的遗传标记来明确地反映不同种群的遗传特征^[5]。随着生物学技术的快速发展,遗传标记的种类已经从形态学、细胞遗传学、生物化学发展到分子生物学领域^[6]。分子标记技术具有结果稳定可靠,重复性好等优点,在生物多样性研究中已得到广泛应用^[7-9]。目前稻瘟病菌的遗传多样性研究主要是以稻瘟病菌基因组中转座子或重复序列为模板设计探针引物,结合体外聚合酶链式反应、限制性内切酶反应等分子生物学方法来表征稻瘟病菌不同遗传群体遗传上的多态性^[10-11]。在稻瘟病菌遗传多样研究中应用较多的分子标记技术有简单重复序列(SSR)、随机扩增片段多态性(RAPD)、限制性片段长度多态性(RFLP)、rep-PCR等^[12-14],本文对不同分子标记方法在我国稻瘟病

菌群体遗传多样性研究中所取得的进展进行了概述。

1 简单重复序列(simple sequence repeat, SSR)

SSR是由1~6个碱基组成的基因串联重复DNA序列,该分子标记方法操作简便,获得的遗传标记丰富,广泛用于研究真菌种群遗传结构和基因定位^[15]。童简新等利用13对SSR引物对湖南19个县种植的44个水稻品种上的稻瘟病菌菌株进行了遗传多样性分析,研究结果显示高海拔山区比丘陵地区稻瘟病菌遗传多样性更丰富,在某一地区栽培品种组成多样化程度越高,该地区的稻瘟病菌遗传多样性越丰富^[16]。肖丹凤等利用8对SSR引物对黑龙江、浙江和广西的144个稻瘟病菌进行了遗传多样性检测,分析结果表明,由于地理环境及气候条件等因素的影响,3个省份的稻瘟病菌菌株的遗传结构有明显差异,浙江和江西稻瘟病菌菌株分属在一个遗传宗谱群体,而黑龙江菌株分属在另一个遗传宗谱群体,说明地理环境及气候条件等因素影响各地区稻瘟病菌遗传结构组成^[17]。

2 rep-PCR技术(repetitive element-based polymerase chain reaction)

rep-PCR技术是扩增基因组中转座子之间旁侧重复序列以得到具有丰富多态性DNA片段的方法。George等利用稻瘟病菌基因组的转座子Pot2的末端重复序列设计了1对扩增转座子之间基因组序列的引物,并利用该引物对分离自菲律宾和喜马拉雅山脉的稻瘟病菌进行了遗传多样性研究,获得了多态性较好的稻瘟病菌遗传图谱^[18]。目前Pot2-rep-PCR技术在我国各地区的稻瘟病菌遗传多样研究中获得

(1):1-10.

[12] Bandyopadhyay R, Sharma K, Onyeka T J, et al. First report of taro (*Colocasia esculenta*) leaf blight caused by *Phytophthora colocasiae* in Nigeria[J]. Plant Disease, 2011, 95(5): 618.

[13] 莫俊杰, 胡汉桥, 梁钾贤, 等. 芋疫病抗病性鉴定及不同品系遗传多样性分析[J]. 广东海洋大学学报, 2012, 32(4): 67-72.

[14] 朱敦军. 50% 烯酰吗啉水分散粒剂防治芋头疫病药效试验[J]. 现代农业科技, 2009(13): 151-151.

[15] 马建芳, 张仁杰, 周华光, 等. 奉化大芋疫病防治药剂筛选初报[J]. 浙江农业科学, 2014(2): 230-232.

[16] 姜东明. 2012年芋头疫病大发生原因分析及防治对策[J]. 福建农业科技, 2012(12): 25.