

吕秋霞,程兆榜,何敦春. 水稻条纹叶枯病流行风险源和影响指标[J]. 江苏农业科学,2019,47(7):104-107.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2019.07.026

水稻条纹叶枯病流行风险源和影响指标

吕秋霞¹, 程兆榜^{1,2}, 何敦春^{1,3}

(1. 福建农林大学植物病毒研究所,福建福州 350002; 2. 江苏省农业科学院植物保护研究所,江苏南京 210014;
3. 泉州理工学院,福建泉州 362268)

摘要:水稻条纹叶枯病历史上多次流行并造成严重损失,具暴发性、间歇性特点。水稻条纹叶枯病流行及防控研究是一项复杂的系统工程,风险源和影响指标确定是首要工作。运用等级全息建模理论,结合文献分析、专家访谈对水稻条纹叶枯病流行风险源和影响指标进行筛选和归类,提出介体灰飞虱虫量、带毒率、带毒虫量、气温、雨量、水稻品种抗病性、生产方式、水稻和小麦种植与收获的方式、时期以及时间交叠、化学防治措施等可作为水稻条纹叶枯病流行风险的影响指标,旨在为病害流行防控研究和实践提供更清晰的思路和视角。

关键词:水稻条纹叶枯病;流行风险;全面风险管理;影响指标;预测预警

中图分类号: S435.111.4⁺9 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2019)07-0104-04

植物病害的发生是植物在生物因素和非生物因素作用下,植物代谢功能失调所引起的植物生命系统的不协调;植物病害的流行是植物生命系统在生物因素和非生物因素作用下,人为干预不当所引起的农业生态系统的失调^[1]。正如其他植物病原生物一样,人类的病害管理活动,有时会破坏生态平衡,起到桥梁过渡作用,导致农田有害生物的再猖獗,这和原始森林、野生植物有很大不同^[2]。水稻条纹病毒(Rice stripe virus,简称RSV)所致的水稻条纹叶枯病亦是如此,其生物因素(如病原生物、寄主植物、传毒介体)、非生物因素(如温度、降水量等)在一定程度上可归纳为自然因素,人为干预(如品种选用、耕作方式、市场经济行为、消费偏好、信息流等)可归纳为人为因素^[3]。RSV危害水稻主要通过抑制水稻生长发育影响产量以及传毒介体昆虫灰飞虱取食对水稻产生的直接损害。但由于水稻自身的补偿机制和自身免疫功能,

RSV的发病并非一定会造成损失,只有病情在达到一定阈值时其指数才会与损失显著相关。换句话说,水稻条纹叶枯病流行风险的结果是造成损失,水稻条纹叶枯病是风险事件,在各风险源因素影响下,水稻条纹叶枯病风险事件发展到一定程度后才引起损失。风险是面向未来的,归因于自然因素的发展和人为决策(如病害防控、耕作安排等)。水稻条纹叶枯病流行是一个复杂的系统,各风险源因素相互影响,厘清、划分和阐明这些因素,对分析、管理病害流行风险至关重要,直接影响防控效果和效益。因此,本研究借助全面风险管理(total risk management,简称TRM)的等级全息建模(hierarchical holographic modeling,简称HHM)^[4]和文献分析方法^[5],建立生物灾害风险、环境诱灾风险和人为致灾风险的三大风险子系统指标体系,并据此开展深入的专家访谈以进一步筛选出全面精确的影响指标,以期为进一步筛选出全面精确的影响指标,以期为分析水稻条纹叶枯病流行规律、风险形成机制、预测预警、管理决策等提供依据。

收稿日期:2018-05-22

基金项目:福建省自然科学基金(编号:2018J01707);福建省产业支撑科技重大项目(编号:2012N4001);国家自然科学基金(编号:3030023)。

作者简介:吕秋霞(1990—),女,福建泉州人,硕士,研究方向为植物经济学。E-mail:617930574@qq.com。

通信作者:何敦春,博士,副研究员,主要从事植病经济学研究。Tel:(0591)83789439;E-mail:hedunchun@126.com。

1 研究方法

1.1 全面风险管理

全面风险管理是一个系统化的、基于统计的整体过程,它的基础是风险评估和管理的量化分析^[4],提出了等级多目标框架的研究思路。全面风险管理提出了在等级多目标框架内研究风险源、风险评估和风险管理,使风险研究是基于实际

瘟病的防效及其在稻株上的种群动态[J]. 江西农业学报, 2003,15(4):27-30.

[51] 杨海莲,孙晓璐,宋未,等. 水稻内生阴沟肠杆菌MR12的鉴定及其固氮和防病作用研究[J]. 植物病理学报,2001,31(1):92-93.

[52] Someya N, Numata S, Nakajima M, et al. Biological control of rice blast by the epiphytic bacterium *Erwinia ananas* transformed with a chitinolytic enzyme gene from an antagonistic bacterium, *Serratia marcescens* strain B2[J]. Journal of General Plant Pathology, 2003, 69(4):276-282.

[53] Yu Q, Liu Z, Lin D R, et al. Characterization and evaluation of *Staphylococcus* sp. strain LZ16 for the biological control of rice blast caused by *Magnaporthe oryzae*[J]. Biological Control, 2013, 65(3):338-347.

[54] Filippi M C C, da Silva G B, Silva-lobo V L, et al. Leaf blast (*Magnaporthe oryzae*) suppression and growth promotion by rhizobacteria on aerobic rice in Brazil[J]. Biological Control, 2011, 58(2):160-166.

[55] 许煜泉,高虹,董耕雷,等. 假单胞杆菌株JKD-2分泌铁载体抑制稻瘟病菌[J]. 微生物学通报,1999,26(3):180-183.

的,并具有全面性、逻辑性、合理性。根据全面风险管理,水稻条纹叶枯病流行风险评估必须要回答3个问题:哪里可能会流行?流行的可能性有多大?损失情况如何?也必须要回答风险管理的4个问题:能做什么?有何选择(根据成本、收益和风险如何权衡)?目前管理决策对未来选择有何影响^[4]?等级全息建模是全面风险管理的一个重要方法,目的在于捕捉和展现一个系统(众多视角、维度、方面中)的内在不同特征和本质^[4]。等级全息建模的价值和关键在于可更便利评估子系统风险及其对整个系统风险的影响^[4]。

1.2 现场访谈法(德尔菲法)

在等级全息建模分析结果基础上,提出比较全面的可能影响指标并列供讨论。参考德尔菲法的原理和步骤^[6],逐个向预先设定好的科学家、科研工作者、植保一线工作者、农户、植保企业调查这些指标采用的合理性,在这个过程中,被调查者之间不能相互讨论,不横向联系,只能与调查者接触。经多轮反复征询、修改、补充后,整理形成专家们较为一致的观点(指标体系)。这种方法较为可靠,具广泛代表性。根据德尔菲法的实施程序^[6],开展有针对性的调查:(1)向被调查组成员开展初始调查,收集他们所有观点;(2)发起第2次调查(说明其他人意见),请其对他人的观点进行评估;(3)发起第3次调查(针对第2次调查结果),请其阐明观点或评价。

1.3 文献归纳法

通过文献检索、阅读、整理,归纳出水稻条纹叶枯病流行风险的影响因素,以及这些影响因素的主要参数,同时参考和结合其他植物病毒相关影响因素,形成比较详尽的影响指标体系。据此向专家和一线工作者开展多轮咨询,进一步筛选和确定水稻条纹叶枯病流行风险的影响指标体系。

2 水稻条纹叶枯病流行风险源

风险是不利影响的严重程度和发生概率的一种度量^[7],水稻条纹叶枯病流行风险是一种不确定性,即特定时空环境中水稻生命系统在自然因子和人为因子互作下平衡状态被打破而发生灾变和致损的概率,不仅受自然因子影响,也受人为因子影响。例如,2000年后江苏省全面籼稻改粳稻带来了21世纪初水稻条纹叶枯病的大流行。从全面风险管理角度结合专家访谈结果,水稻条纹叶枯病流行有3个风险源,即生物灾害风险、环境诱灾风险、人为致灾风险。生物灾害风险子系统至少取决于3个因子——病毒、介体、寄主;环境诱灾风险子系统由自然因素组成,如气候等;人为致灾风险子系统由技术、社会、经济、政治等因素组成,如耕作方式、植保技术能力、信息服务、品种选择、稻米品种的消费偏向、稻米品质的市场导向、植保成本、农残标准、市场准入、法律法规等。为获取风险源可能的各个方面,开发出水稻条纹叶枯病流行风险源的等级全息建模框架(图1)。

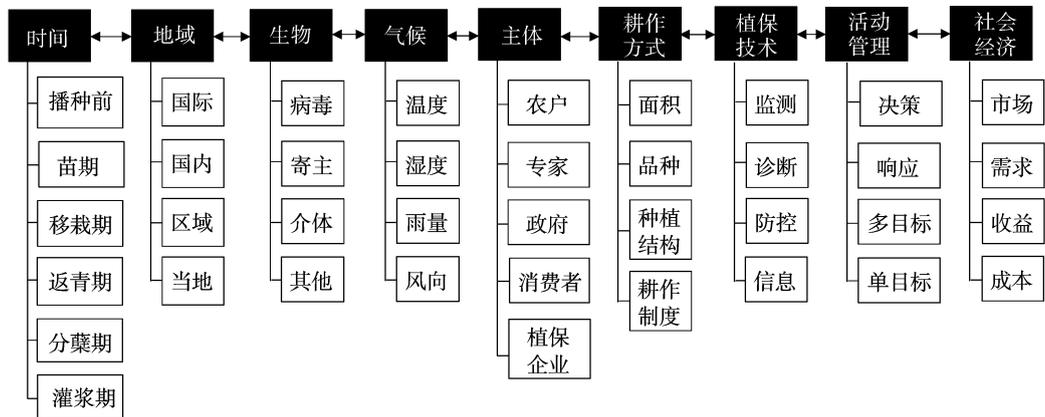


图1 水稻条纹叶枯病流行风险源的等级全息建模框架

3 水稻条纹叶枯病流行风险影响指标

植物病毒病流行至少取决于4个因子——病毒、介体、寄主、环境条件^[8]。对于RSV而言,早期阶段对该病害的认识比较简单,将RSV与灰飞虱作为简单的宿主关系;在1968年以后才开始着眼于水稻-RSV-灰飞虱的病三角关系^[9];目前越来越多学者认为环境对水稻条纹叶枯病的流行也有影响^[10-11]。人为因素虽然在病害防控中发挥重要作用,但也有可能反过来促进病害的持续暴发流行^[12],这实际上就是病五角关系。病五角相互作用,病五角的每个角又受不同因素影响,这些因素也相互作用,有的还交错在一起,错综复杂。农业系统中植物病害的发生和流行是在人为干预下生物因素和非生物因素互作的结果,主要涉及3个方面:不利于寄主植物的因素、利于病原生物的因素、失衡的农业生态系统^[3]。如果仅从靶标病虫出发显然会产生防控实践导向的偏差,应正

视影响植物病害流行和防控中的主要问题。

3.1 生物灾害风险子系统的可能影响指标

3.1.1 病原生物 病原生物的致病性是指它所具有的破坏寄主和引起病变的能力,衡量致病性强弱程度的指标是致病力,致病力是病原生物与寄主植物互作的结果,也包括侵袭力,即病原生物克服寄主防御在寄主体内定殖、扩展的能力^[1]。致病性决定了植物病毒能否在寄主上流行的潜力,病毒致病性变异决定了病害能否再猖獗的潜力^[13]。与水稻条纹叶枯病流行有关的病原生物可能影响指标主要有侵袭力、致病力、适生性、变异性。RSV属于RNA病毒,广泛分布于不同生态环境区域,致病性分化可能在所难免^[14]。致病性变异是植物病毒与寄主互作的表型变异,其分布生态位的多样化可能导致RSV具有丰富的遗传多样性,因此RSV的分子变异是现实存在的。对RSV的分子变异目前有较多的研究,RSV基因间隔区的变异可能是RSV在不同环境下克服不同

强度选择压力的结果^[15]。然而 RSV 在分子水平上较为保守,其变异可能并不是其流行的主导因素,目前尚无这方面的证据。

3.1.2 传毒介体昆虫灰飞虱 与水稻条纹叶枯病流行有关的灰飞虱可能影响指标主要包括获毒能力、传毒能力、越冬场所、有效毒源、活动能力(迁飞性)、适生性。从病五角出发,除了灰飞虱内在参数因子及与 RSV 互作外,还与寄主植物、人类互作,同时还受到环境影响,其影响指标选择要考虑到这些方面。灰飞虱主要分布在东亚温带稻区,各生态区的繁殖代数、生活史、年度消长存在一定差异^[16]。江苏省灰飞虱 1 年发生 6 代,冬季(12—3 月)灰飞虱在寄主植物上越冬,4—5 月或 6 月初在麦田中出现第 1 代,6 月在稻田中出现第 2 代,7—8 月在稻田中出现第 3 代,8—9 月在稻田中出现第 4 代,9—10 月在稻田中出现第 5 代,10 月在稻田中出现第 6 代并以若虫形态在过渡寄主上越冬^[17]。目前报道的 RSV 传播介体主要是灰飞虱,最短获毒时间为 10~15 min,病毒在介体内的循环期为 3~30 d^[18]。若虫获毒效率高于成虫,雌虫获毒效率高于雄虫^[19]。灰飞虱带毒率与虫源性质密切相关,来自病株上的虫源带毒率较高,而来自健康株上的虫源带毒率较低。灰飞虱活动能力较强,据报道可由我国向日本迁飞,具有远距离迁飞能力^[20],但其毒源主要是来自本地,还是外来传入,或两者兼有,尚有待进一步查证。

3.1.3 寄主水稻 与水稻条纹叶枯病流行有关的寄主可能影响指标有主要寄主范围、水稻抗性、生育阶段等。RSV 寄主范围较广,包括水稻、小麦、大麦、燕麦、玉米、小黑麦、看麦娘、早熟禾、狗尾草、马唐、山羊草、稗草等 80 多种禾本科植物^[19],RSV 也可侵染本氏烟草和拟南芥^[21],但 RSV 主要的寄主是水稻。RSV 与寄主互作还有一个结果,即抗病性或感病性。抗病性强弱能抑制或促进水稻条纹叶枯病流行,籼稻相对于粳稻抗病,而且 RSV 侵袭不同生育阶段的寄主所表现出的致病性与寄主水稻所表现出来的抗病性也会有所差异,随着病株生长,抗性不断增强^[22],早稻轻于中稻、晚稻。水稻品种对 RSV 的抗性是条纹叶枯病流行的决定因子之一^[23]。水稻条纹叶枯病在江苏等地大流行与感病品种武育梗 3 号的大面积种植密切相关。

3.2 环境诱灾风险子系统的可能影响指标

与水稻条纹叶枯病流行有关的环境可能影响指标主要有气候、地理条件等,这些因子人为都无法干预。气候条件是水稻病毒病发生最重要的环境条件,如温度、湿度、降水量、日照、大风、霜、雪等要素,其中冬春温度可能是最主要的指标^[24],降水量可能也有一定影响,且降水可能影响介体迁飞,若遇降水介体可能更易于大量迁入和快速降入大田^[25]。也有报道称,地理条件如地势(背山、平原)等也可能影响水稻条纹叶枯病的流行程度。气候可能是 RSV 传播介体灰飞虱虫量的影响因素^[26],特别是暖冬能为越冬灰飞虱存活提供适宜的条件,春季温度高能促进灰飞虱的生长和繁殖。

3.3 人为致灾风险子系统的可能影响指标

与水稻条纹叶枯病流行有关的人为干预可能影响指标主要有植保方式、耕作制度和生产方式。尽管社会经济等因素能通过生产者行为来影响水稻条纹叶枯病流行,但人为干预最直接的表现形式是耕作制度、生产布局和植物保护,这实际

上是形成或改变农田生态环境的过程。每次水稻病毒流行无不与当地稻田生态环境变化紧紧相连,该变化创造了有利于病毒及传毒介体,却不利于寄主植物生长的环境。这些因素对水稻条纹叶枯病流行的影响是当前相关研究中比较薄弱的环节。但还是有些学者认为水稻条纹叶枯病流行与早熟品种的大面积推广、冬季小麦大面积种植、水稻播栽时间以及早稻与晚稻种植时间的交错、播种期、移栽期相关^[27-28]。此外,防控水稻条纹叶枯病中杀虫剂的大量使用,带来灰飞虱抗药性上升的同时,也造成稻田物种多样性和种群数量减少,削弱了自然调控灰飞虱的作用。根据文献报道^[27-28],结合实际调查,杀虫剂大量使用、水稻生产方式(不同品种的种植面积和方式,播种、移栽、收割时间)、小麦生产方式(播种面积和种植方式,播种、收割时间)可能影响水稻条纹叶枯病流行。

4 结论与展望

在病原生物灾害风险子系统中,病原生物在寄主(灰飞虱、水稻)体内易于生存,适生性不成问题^[29-30],对于灰飞虱而言,情况却有很大不同,其生存受到诸多因素干扰,如气候条件、过渡寄主等。对于病原生物的致病性、侵袭力指标在多次水稻条纹叶枯病持续流行中已被证实是客观存在的。病原生物的变异性在不同生态区有所差异,但若仅研究某一生态区某一周期的流行情况,变异性可以忽略。因此,从 RSV 本身来研究其与病害流行的相关性,或据其预测病害严重程度,可能不是最佳角度,但从 RSV-灰飞虱-水稻互作考虑可能更合适。在 RSV-灰飞虱中,灰飞虱的获毒能力、传毒能力、越冬场所、有效毒源、活动能力(迁飞性)、适生性等指标十分重要。在 RSV-水稻中,水稻品种抗性、群体抗性可能影响水稻条纹叶枯病流行,这实际上是致病性与抗病性的此消彼长。在环境诱灾风险子系统中,气候的影响可能大于地理条件,不同地理条件可能会在某个年份产生影响,但对生物因素来讲,其适生性更多是受气候条件制约,尤其是温度、降水量等指标。在人为致灾风险子系统中,对病原生物难以直接干预,而更多的是从灰飞虱和水稻入手,如耕作制度、生产方式、品种布局、抗病品种选育与应用、化学防治等。此外,尽管市场信息、消费偏好、供需关系、防控效益等社会经济因素也可间接影响病害流行风险及防控,只是由于难以量化及厘清各种贡献、边界问题,尚未得到深入研究,但却是未来值得研究的方向。根据上述研究结果建立水稻条纹叶枯病流行风险的影响指标体系(图 2),并建议以此为依据开

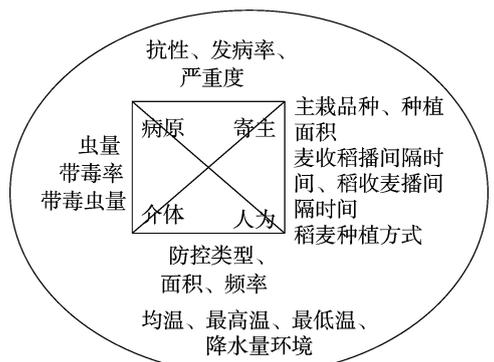


图2 影响水稻条纹叶枯病流行的主要指标

展后续研究,如水稻条纹叶枯病流行及防控的时空动态;揭示影响病害流行的关键自然因子,并建立预测报模型;阐明人为因子对病害流行的作用,并提出以不同措施调控关键自然因子的分级管理策略。

参考文献:

- [1] 谢联辉,林奇英,徐学荣. 植物病害——经济学、病理学与分子生物学[M]. 北京:科学出版社,2009.
- [2] 谢联辉. 21世纪中国植物保护问题的若干思考[J]. 中国农业科技导报,2003,5(5):5-7.
- [3] He D C, Zhan J, Cheng Z B, et al. Viruliferous rate of small brown planthopper is a good indicator of rice stripe disease epidemics[J]. Scientific Reports,2016,6:21376.
- [4] 雅科夫·Y·海姆斯. 风险建模、评估和管理[M]. 胡平,译. 西安:西安交通大学出版社,2007.
- [5] 曹宇,肖笃宁,赵羿,等. 近十年来中国景观生态学文献分析[J]. 应用生态学报,2001,12(3):474-477.
- [6] 崔志明,万劲波,孟晓华,等. 技术预见“市场德尔菲法”的特点及实施程序探讨[J]. 科学与科学技术管理,2004,25(12):13-17.
- [7] 刘岩,孙长智. 风险概念的历史考察与内涵解析[J]. 长春理工大学学报(社会科学版),2007,20(3):28-31.
- [8] 谢联辉,林奇英. 植物病毒学[M]. 3版. 北京:中国农业出版社,2011.
- [9] Okuyama S, Kajino Y. Studies on the control of the small brown planthopper transmitting rice stripe disease I. Disease occurrence and the rate of infective vectors[J]. Hokun Northern Agriculture,1980,47(7):10-22.
- [10] 程兆榜,杨荣明,周益军,等. 江苏稻区水稻条纹叶枯病发生新规律[J]. 江苏农业科学,2002(1):39-41.
- [11] 王华弟,陈剑平,祝增荣,等. 浙江北部水稻条纹叶枯病的发病流行规律[J]. 植物保护学报,2007,34(5):487-492.
- [12] He D C, Zhan J S, Xie L H. Problems, challenges and future of plant disease management: from an ecological point of view[J]. Journal of Integrative Agriculture,2016,15(4):705-715.
- [13] 程文金,邓慧颖,谢荔岩,等. 我国水稻条纹病毒致病性的分化与差异分析[J]. 福建农林大学学报(自然科学版),2009,38(6):561-566.
- [14] 程兆榜,任春梅,周益军,等. 水稻条纹病毒不同地区分离物的致病性研究[J]. 植物病理学报,2008,38(2):126-131.
- [15] Wei T Y, Yang J G, Liao F L, et al. Genetic diversity and population structure of rice stripe virus in China[J]. Journal of General Virology,2009,90(4):1025-1034.
- [16] 程兆榜,何敦春,陈全胜,等. 单季稻小麦轮作区灰飞虱发生规律[J]. 应用昆虫学报,2013,50(3):706-717.
- [17] 贺媛,朱宇波,侯洋暘,等. 江浙麦区灰飞虱春季种群的发生消长和迁飞动态[J]. 中国水稻科学,2012,26(1):109-117.
- [18] 林莉,徐云,刘玉彬,等. 灰飞虱传播水稻条纹叶枯病毒的特性[J]. 植物保护学报,1996,23(3):218-222.
- [19] Toriyama S. Rice stripe virus[M]. London: Commonwealth Mycological Institute,1983.
- [20] 包云轩,徐希燕,王建强,等. 白背飞虱重大迁入过程的大气动力背景[J]. 生态学报,2007,27(11):4527-4535.
- [21] Sun F, Yuan X, Zhou T, et al. *Arabidopsis* is susceptible to rice stripe virus infections[J]. Journal of Phytopathology,2011,159(11/12):767-772.
- [22] 林含新,林奇田,魏太云,等. 水稻品种对水稻条纹病毒及其介体灰飞虱的抗性鉴定[J]. 福建农业大学学报,2000,29(4):453-458.
- [23] Murakami M, Kanda T. Occurrence of insect pests in rice stripe disease resistant cultivar[J]. Proceedings of Kanto-Tosan Plant Protection Society,1986,33(3):186-187.
- [24] 谢联辉,林奇英,吴祖建,等. 中国水稻病毒病的诊断、监测和防治对策[J]. 福建农业大学学报(自然科学版),1994,23(3):280-285.
- [25] 蔡凯,薛全芳. 雨量和田间湿度对水稻纹枯病发生和流行影响的初步观察[J]. 植物病理学报,1984,14(3):186-187,185.
- [26] Yamamura K, Yokozawa M. Prediction of a geographical shift in the epidemic of rice stripe virus disease transmitted by small brown planthopper *Laodelphax striatellus* (Fallén) (Hemiptera: Delphacidae), under global warming[J]. Applied Entomology and Zoology,2002,37(1):181-190.
- [27] Hibino H. Biology and epidemiology of rice viruses[J]. Annual Review of Phytopathology,1996,34:249-274.
- [28] Zhu J L, Zhu Z R, Zhou Y, et al. Effect of rice sowing date on occurrence of small brown planthopper and epidemics of planthopper-transmitted rice stripe viral disease[J]. Agricultural Sciences in China,2009,8(3):332-341.
- [29] 姜静,王银磊,李亚茹,等. 江苏省及其他地区番茄黄化曲叶病毒的分子鉴定及序列分析[J]. 江苏农业学报,2018,34(1):238-240.
- [30] 李廷芳,吴淑华,赵文浩,等. 青海海东设施辣椒轻斑驳病毒的分子检测[J]. 江苏农业学报,2017,33(4):958-960.