

籼-粳杂交稻稻曲病空间分布和抽样技术研究

谢子正¹, 方辉², 李阳³, 许渭根¹, 陈红², 黄世文^{4*}

(1. 浙江省植物保护检疫局, 杭州 310020; 2. 浙江省临海市农业局, 临海 317000;
3. 浙江省丽水市土肥植保站, 丽水 323000; 4. 中国水稻研究所, 杭州 311400)

摘要 本文应用聚集度指标法、Iwao法和Taylor幂法则等方法,测定了籼-粳杂交稻稻曲病在田间的空间分布型和抽样技术。结果表明,稻曲病田间空间分布主要为非随机性的聚集型分布。 $m^* - x$ 回归分析表明,稻曲病空间分布的基本成分是个体群,个体间相互吸引。Taylor幂法则分析显示,稻曲病病株聚集度依赖于密度。不同取样方法准确度比较结果指出,稻曲病田间抽样调查宜采用平行跳跃式取样,在此基础上提出了稻曲病田间理论抽样公式和序贯抽样表。

关键词 稻曲病; 空间分布; 抽样技术

中图分类号: S 435.111.4 **文献标识码:** A **DOI:** 10.16688/j.zwbh.2018195

Spatial distribution and sampling technique of rice false smut (RFS) in indica/japonica hybrid rice

XIE Zizheng¹, FANG Hui², LI Yang³, XU Weigen¹, CHEN Hong², HUANG Shiwen⁴

(1. Zhejiang Provincial Bureau of Plant Protection and Quarantine, Hangzhou 310020, China; 2. Agricultural Bureau of Linhai City, Zhejiang 317000, China; 3. Soil Fertilizer and Plant Protection Station of Lishui City, Zhejiang 323000, China; 4. China National Rice Research Institute, Hangzhou 311400, China)

Abstract Spatial distribution and sampling techniques of rice false smut (RFS) of indica/japonica hybrid rice were tested in the field by using degree of aggregation method, Iwao method and Taylor power rule. The results indicated that the spatial distribution of RFS in the field was non-random aggregation. Regression analysis of $m^* - x$ showed that the individual populations were the basal component of the spatial distribution of RFS in the field. The individual populations were mutual affinity. The analysis of Taylor power rule showed that the degree of aggregation of diseased rice plants depended on density. The comparison of accuracy rating of diverse ways of sampling indicated that sampling with parallel jumping was the best way for sampling survey of RFS in the field. The theoretical sampling formula and the table of sequential sampling of RFS in the field were presented based on the above results.

Key words rice false smut; spatial distribution; sampling technique

稻曲病是由半知菌稻绿核菌 *Ustilaginoidea virens* (Cooke) Tak. 引起的水稻穗期真菌性病害,不仅造成水稻产量降低,而且产生的稻曲病菌毒素对人畜有害^[1]。21世纪以来,随着水稻品种更新、栽培制度改变、施肥水平提高,尤其是籼-粳杂交稻组合‘甬优’、‘春优’系列品种的大面积推广,稻曲病在浙江已成为水稻主要病害之一。2008年以来浙江省单季稻稻曲病年均发生面积 20 万 hm^2 ,占全省

水稻种植面积的 35%^[2]。

掌握植物病害田间分布规律,是植物病害发生流行规律和适时进行防控的基础^[3-4]。当前,对稻曲病的研究主要集中在稻曲病菌菌源的侵染机制和防控策略上^[5],对稻曲病空间分布、抽样技术等研究相对较少。潘以楼等^[6]、肖业武等^[7]研究认为,稻曲病的田间分布属于聚集分布型,确定了平行跳跃式法为该病田间最佳抽样方法,但这些研究以籼型杂交

收稿日期: 2018-05-08 修订日期: 2018-05-25

基金项目: “浙江省三农六方”科技协作项目(CTZB-F160728AWZ-SNY1-4);中国农业科学院科技创新工程项目(CAAS-ASTIP-2013-CNRRD);中国农业科学院科技创新工程协同创新项目(CAAS-XTCX2016012);国家重点研发计划(2016YFD0200801)

* 通信作者 E-mail: huangshiwen@caas.cn

稻或常规粳稻、常规籼稻为主, 测试品种性状与易感稻曲病的粳-籼杂交稻差别较大。本文以粳-籼杂交稻组合, 特感稻曲病的‘甬优 12’为研究对象, 对稻曲病在粳-籼杂交稻上的田间发病规律、田间空间分布、抽样调查技术等进行了研究, 明确了粳-籼型杂交稻上稻曲病的田间分布规律, 初步建立了粳-籼杂交稻稻曲病田间理论抽样技术方法, 为稻曲病田间预测预报和高效防控提供参考。

1 材料与方法

1.1 供试品种

‘甬优 12’(粳籼杂交稻组合, 特感稻曲病); 试验地点: 浙江省临海市江南街道塘渡村; 调查时间: 2016、2017 年 10 月下旬。

1.2 稻曲病不同调查取样方法比较

2016 年 10 月下旬调查单季晚稻田 1 块, 面积 3 335 m², 调查方法: 分别采用五点取样、平行跳跃式取样、双线连续式取样、对角线取样、Z 字九点取样和棋盘式取样调查同一田块。每种调查方法每块田取样 1 000 穗, 计算不同调查方法所得的田块病穗率。同时调查每个田块全部发病穗数, 计算田块实际病穗率作为对照。

1.3 稻曲病空间分布型调查研究

2017 年 10 月下旬选取不同发病程度的单季晚稻田 10 块, 每块田面积 1 000 m² 左右, 水稻品种为‘甬优 12 号’。每块田平行跳跃取样 300 穗, 记录每穗病粒数。同时每块田每 15 丛为一个取样点, 逐一记载每个取样点的病穗数, 每块田调查 20 个取样点。

稻曲病的病情分级标准: 以平均单穗病粒数为标准, 0~5 级的各级单穗病粒数分别为 0、1、2~3、4~6、7~13、14 以上, 对调查田块进病情分级分析^[8]。

计算每块田的平均每丛病穗数(\bar{x})、方差(S^2)及平均拥挤度(m^*)。采用聚集度指标法(扩散系数 C 、丛生指数 I 、聚块性指标 m^*/\bar{x})、 m^*-x 回归分析法和 Taylor 幂法则回归分析法等 3 种方法测定稻曲病的田间分布格局和内部结构。

1.4 稻曲病抽样技术体系研究

采用 Iwao 的理论抽样模型确定不同发病密度时的最适理论抽样数。

$$N = (t/D)^2[(\alpha + 1)/\bar{x} + (\beta - 1)]$$

其中: N 为最适抽样数, 为平均密度(平均病穗率/

丛), t 为一定置信条件下的 t 分布值, 取 $t = 1.96$, D 为允许误差值, 取 $D = 0.1, 0.2, 0.3$, α, β 为回归模型中的参数。

序贯抽样是根据调查实况, 在一定的置信范围内利用取得的样本信息确定合适的抽样量或是否达到防治的指标。序贯分析模型公式为:

$$T(\text{高/低}) = Nx \pm t[N(\alpha + 1)x + N(\beta - 1)x^2]^{1/2}$$

式中: T 为调查植株累计病穗数; N 为抽样丛数; x 为防治指标; $t = 1.96$, α, β 为平均拥挤度和均值回归式中的参数。

2 结果与分析

2.1 稻曲病不同调查方法准确度比较

1~3 号田块调查数据来自单季晚稻‘甬优 12’的 3 个田块, 均发病较重, 4 号田块数据来自连作晚稻的发病田块, 相对发病较轻。结果显示, 平行跳跃式取样方法计算得出的平均病穗率与实际病穗率最为接近, 平均误差率在 2% 以内; 其后依次是对角线式、双线连续式、五点式、Z 字九点式和棋盘式(表 1)。表明平行跳跃式取样布局合理, 提高了样本平均数的代表性, 减少了各种误差, 适用于稻曲病的抽样调查。

2.2 稻曲病空间分布型分析

2.2.1 聚集度指标

应用聚集度指标测定, 结果表明, 1~10 号田块的扩散系数 C 在 1.161 0 至 2.281 9 之间, 均大于 1; 丛生指数 I 也均大于 0; 聚块性指标 m^*/\bar{x} 也均大于 1, 表明稻曲病田间的空间分布型为聚集分布(表 2)。

2.2.2 m^*-x 回归分析法

应用 Iwao 的 m^*-x 回归分析法, 其相关回归方程式为: $m^* = 1.133\bar{x} + 0.226$ ($r = 0.9828$) 得 $\alpha = 0.226 > 0$, 说明个体间略有相互吸引倾向而形成个体群; $\beta = 1.133 > 1$, 说明稻曲病的空间分布型为聚集分布。

2.2.3 Taylor 幂法则回归分析法

应用 Taylor 幂法则, 其相关回归方程为: $\lg S^2 = 1.129 \lg \bar{x} + 0.139$ ($r = 0.9295$), 即 $S^2 = 1.377 2\bar{x}^{1.129}$, 得 $\beta = 1.129 > 1$, 说明稻曲病的空间分布型为聚集分布, 且聚集度依赖于密度。

以上三种分析方法对稻曲病的田间分布分析结果基本相同, 均属聚集分布, 表明稻曲病的分布是非随机性的。

表 1 不同调查方法下稻曲病病穗率比较

Table 1 Comparison of panicle incidence rate of RFS under different survey methods

田块号 Field no.	实际病穗率/% Rate of actual infected panicles	五点式 Five-site mode			平行跳跃式 Parallel jumping mode			双线连续式 Two-line continuous mode		
		病穗率/% Rate of infected panicles	误差值 Difference value	误差率/% Error rate	病穗率/% Rate of infected panicles	误差值 Difference value	误差率/% Error rate	病穗率/% Rate of infected panicles	误差值 Difference value	误差率/% Error rate
1	10.4	12.6	2.2	21.2	10.2	0.2	1.9	9.7	0.7	6.7
2	14.2	14.6	0.4	2.8	14.1	0.1	0.7	13.6	0.6	4.2
3	11.4	13.8	2.4	21.1	11.5	0.1	0.9	10.7	0.7	6.1
4	7.6	7.1	0.5	6.6	7.5	0.1	1.3	6.7	0.9	11.8
平均 Average	10.9	12.0	1.4	12.9	10.8	0.1	1.2	10.2	0.7	7.2

田块号 Field no.	实际病穗率/% Rate of actual infected panicles	对角线式 Diagonal mode			Z字九点式 Nine site mode of Z letter			棋盘式 Chessboard mode		
		病穗率/% Rate of infected panicles	误差值 Difference value	误差率/% Error rate	病穗率/% Rate of infected panicles	误差值 Difference value	误差率/% Error rate	病穗率/% Rate of infected panicles	误差值 Difference value	误差率/% Error rate
1	10.4	10.2	0.2	1.9	12.1	1.7	16.3	7.9	2.5	24.0
2	14.2	16.5	2.3	16.2	15.0	0.8	5.6	11.7	2.5	17.6
3	11.4	12.0	0.6	5.3	12.2	0.8	7.0	9.5	1.9	16.7
4	7.6	7.9	0.3	3.9	9.6	2.0	26.3	6.7	0.9	11.8
平均 Average	10.9	11.7	0.9	6.8	12.2	1.3	13.8	9.0	2.0	17.5

表 2 稻曲病发病级数分析及聚集度指标测定

Table 2 Analysis of infected panicle level and index testing of aggregation degree of RFS

田块号 Field no.	平均单穗病粒数 Average diseased grains per panicle	发病级数 Infected panicle level	病穗数 No. of infected panicles	平均每丛病穗数 Average infected panicles / cluster	S^2	C	m^*	I	m^* / x	分布型 Distribution pattern
1	0.30	1	318	1.06	1.989 5	1.876 9	1.936 7	0.876 9	1.827 3	聚集
2	1.06	1	395	1.31	2.513 2	1.908 7	2.225 4	0.908 7	1.690 2	聚集
3	1.99	1	512	1.71	2.042 1	1.196 6	1.903 2	0.196 6	1.115 2	聚集
4	2.37	2	595	1.98	2.302 6	1.161 0	2.144 3	0.161 0	1.081 2	聚集
5	3.15	2	638	2.13	3.252 6	1.529 5	2.656 1	0.529 5	1.249 0	聚集
6	4.21	3	685	2.28	3.250 0	1.423 4	2.706 7	0.423 4	1.185 4	聚集
7	5.71	3	736	2.45	3.221 1	1.312 9	2.766 3	0.312 9	1.127 6	聚集
8	9.25	4	886	2.95	3.379 0	1.144 1	3.099 7	0.144 1	1.048 8	聚集
9	12.20	4	894	4.83	9.628 9	1.993 6	5.823 6	0.993 6	1.205 7	聚集
10	15.92	5	1 065	6.2	14.155 3	2.281 9	7.485 2	1.121 9	1.206 6	聚集

2.3 粳-籼杂交稻稻曲病田间理论抽样技术体系

应用 Iwao 的理论抽样公式来确定理论抽样数 n ，建立最适理论抽样模型为： $n = (t/D)^2 [1.226/\bar{x} + 0.133]$ ，根据最适理论抽样数模型得出稻曲病的不同发病密度、不同允许误差水平时的理论抽样数。同一允许误差下，随着田块中每丛稻发病穗数的增加，抽样丛数可逐渐减少(表 3)。

根据 Iwao 的方法，分别确定防治指标为每丛稻发病穗数为 $x=1$ 和 $x=2$ ；将 $t=1.96, \alpha=1.226, \beta=$

0.133 代入序贯抽样公式，得序贯抽样检索表(表 4)。

由表 4 可知，调查株数达到 N 时，若 N 丛水稻累计发病穗数超过上限则可确定为需防治田块；若累计发病穗数低于下限时，可确定为不需防治田块；累计发病穗数在上、下限之间，则应继续调查。实际抽样过程中如果累计病穗数总是介于序贯抽样检索表的上、下限之间时，依据公式 $N_{max} = (t/D)^2 [1.226/\bar{x} + 0.133]$ 确定最大抽样植株数。

表 3 稻曲病的理论抽样数

Table 3 Theoretical sampling numbers of rice false smut

平均每丛病穗数 Average infected panicles per cluster	不同允许误差下的抽样丛数 The cluster numbers for sampling at different permissible errors		
	D=0.1	D=0.2	D=0.3
0.5	993	248	110
1.0	522	130	58
1.5	365	91	40
2.0	286	71	31
2.5	239	59	26
3.0	208	52	23
3.5	185	46	20
4.0	168	42	18
6.0	129	32	14

表 4 不同防治指标下的稻曲病序贯抽样表

Table 4 Index list for sequential sampling of RFS
under different treatment thresholds

调查 丛数(N) No. of clusters	防治指标(x=1) Control index		防治指标(x=2) Control index	
	抽样上限值 Upper limit value of sampling	抽样下限值 Lower limit value of sampling	抽样上限值 Upper limit value of sampling	抽样下限值 Lower limit value of sampling
20	30.22	9.78	55.14	24.86
40	54.45	25.55	101.41	58.59
60	77.70	42.30	146.23	93.77
80	100.44	59.45	190.28	129.72
100	122.85	77.15	233.86	166.14
200	232.31	167.69	447.88	352.12

3 结论与讨论

对稻曲病田间不同取样方法比较结果表明,平行跳跃式取样调查获得的平均每丛稻曲病病穗率与田间实际每丛稻的病穗率误差率最小,平均为 1.2%,其他调查取样方法:对角线式、双线连续式、五点式、Z 字九点式和棋盘式与田间实际每丛稻的病穗率误差率在 6.8%~17.5% 之间,表明粳-粳型杂交稻稻曲病田间抽样调查时宜采用平行跳跃式取样,该取样调查法能够提高样本平均数的代表性,减少各种误差,这与潘以楼等^[5]、肖业武等^[6]的研究相一致。

通过聚集度指标法、Iwao 法和 Taylor 幂法则测定检验,结果表明,粳-粳型杂交稻稻曲病在田间呈聚集分布,其聚集强度随着病害密度升高而增高。分析其原因,可能是稻曲病菌菌核具有良好的越冬能力,侵染时期是水稻孕穗初期,侵染位点是以水稻花丝为主的花器组织^[6],之后反复进行侵染,在中

心病株周围形成较多的新病穗,形成了空间分布型为聚集分布这种格局。

植物病害抽样样方的大小对统计分析结果具有显著影响^[3],应用 Iwao 理论抽样公式建立了粳-粳型杂交稻稻曲病最适理论抽样模型: $n = (t/D)^2 [1.226/\bar{x} + 0.133]$,制定了粳-粳型杂交稻稻曲病在不同丛病穗数、不同允许误差时的理论抽样数表作为测报调查时参考。结果表明,随着丛发病穗数的增加,所需抽样数可以逐步递减。应用序贯抽样模型,得到不同防治指标下的水稻稻曲病序贯抽样检索表。理论抽样数可以作为稻曲病田间调查取样的参考依据,减少田间调查工作量,可有效制订防治方案,提高田间防控效果。

本文对稻曲病空间分布型的分析指标是以病穗为主,未分析病粒的空间分布。潘以楼等^[6]认为,稻曲病病穗和病粒的田间空间分布型相同,病粒的空间分布研究得到的结果对确定稻曲病空间分布的抽样技术并无更多益处,主要作用可以根据防治指标制定稻曲病的序贯抽样表。谢子正等^[8]研究的稻曲病分级标准是以每穗病粒数为基准,防治指标定为二级下限。本文根据表 2 每丛稻病穗数和每穗病粒数关系,确定防治指标为每丛稻病穗数分别为 1 和 2 时的序贯抽样检索表,可能会与防治指标为每穗病粒数确定的序贯抽样表有所差异。本文明确了粳-粳杂交稻稻曲病的空间分布型和抽样调查技术,为基层植保部门田间病情调查、病情预测预报和防控方案的制定提供了依据。

参考文献

- [1] 季宏平. 国内外稻曲病研究进展[J]. 黑龙江农业科学, 2002(4): 34-37.
- [2] 浙江省植保专业统计系统[DB/OL]. <http://www.zjppq.gov.cn/>.
- [3] 库克 B M, 加雷斯琼斯 D, 凯 B, 等. 植物病害流行病学[M]. 王海光, 马占鸿, 译. 北京: 科学出版社, 2009: 155-167.
- [4] 陈观浩, 梁盛铭, 任惠, 等. 南方水稻黑条矮缩病空间分布型及抽样技术[J]. 植物保护, 2014, 40(1): 131-133.
- [5] 胡东维, 梁五生, 赖朝晖. 稻曲病菌成灾机制与防控技术研究进展[J]. 植物保护, 2018, 44(1): 1-5.
- [6] 潘以楼, 吴汉章. 稻曲病(*Ustilaginoida vires*)病穗和病粒的空间分布型[J]. 南京农业大学学报, 1998, 21(3): 41-46.
- [7] 肖业武, 刘二明, 李小娟. 水稻稻曲病田间分布及抽样方法研究初报[J]. 作物研究, 2007(1): 38-40.
- [8] 谢子正, 赵帅锋, 许渭根, 等. 粳-粳杂交稻稻曲病病情分级标准研究[J]. 中国稻米, 2018, 24(1): 64-67.