

福建省部分马铃薯产区晚疫病菌群体结构研究

李本金¹, 王荣波¹, 刘裴清¹, 邓丽霞¹, 石茗月¹, 李慧斌¹, 陈庆河^{1,2*}

(1. 福建省农业科学院植物保护研究所, 福建省作物有害生物监测与治理重点实验室, 福州 350013;

2. 海南大学植物保护学院, 热带农林生物灾害绿色防控教育部重点实验室, 海口 570228)

摘要 为明确福建省部分马铃薯产区晚疫病菌群体结构, 2017年—2019年在龙海市、福安市、霞浦县共分离获得96株马铃薯晚疫病菌。采用对峙培养法、鉴别寄主法和PCR-RFLP法对这些菌株的交配型、生理小种及线粒体DNA (mtDNA) 单倍型进行分析。交配型测定结果显示, 除了福建省福安市有5株(5.21%)为A1交配型外, 其余91株(94.79%)均为自育型, 未发现A2交配型及A1A2型菌株。从96个菌株中检测出16个生理小种类型, 龙海市和福安市的优势生理小种均是可克服11个显性抗病单基因的1.2.3.4.5.6.7.8.9.10.11, 霞浦县的优势生理小种为1.2.3.4.5.6.7.8.10。供试菌株均至少含有6个毒性基因。mtDNA单倍型共检测出3种类型, 其中55个菌株(龙海市22株、福安市8株、霞浦县25株)为I a型, 占57.29%, 32个菌株(龙海市2株、福安市25株、霞浦县5株)为II a型, 占33.33%, 9个菌株(福安市7株、霞浦县2株)为II b型, 占9.37%。研究结果表明, 福建省马铃薯晚疫病菌群体遗传多样性日趋复杂。

关键词 马铃薯晚疫病菌; 交配型; 生理小种; mtDNA 单倍型

中图分类号: S435.32 **文献标识码:** A **DOI:** 10.16688/j.zwbh.2020645

Population structure of *Phytophthora infestans* isolates collected from a part of potato producing areas in Fujian province

LI Benjin¹, WANG Rongbo¹, LIU Peiqing¹, DENG Lixia¹, SHI Mingyue¹, LI Huibin¹, CHEN Qinghe^{1,2*}

(1. Fujian Key Laboratory for Monitoring and Integrated Management of Crop Pests, Institute of Plant Protection, Fujian Academy of Agricultural Sciences, Fuzhou 350013, China; 2. Key Laboratory of Green Prevention and Control of Tropical Plant Diseases and Pests, Ministry of Education, College of Plant Protection, Hainan University, Haikou 570228, China)

Abstract To clarify the population structure of *Phytophthora infestans* in a part of potato producing areas in Fujian province, a total of 96 *P. infestans* isolates were collected from Longhai city, Fu'an city and Xiapu county of Fujian province from 2017 to 2019, and the mating type, physiological race and mitochondrial DNA haplotype were identified based on plate confrontation culture, host identification and PCR-RFLP. The results showed that 91 out of the 96 *P. infestans* isolates were self-fertile, accounting for 94.79%; five isolates collected from Fu'an belonged to A1 mating type, accounting for 5.21%, while A2 mating type and A1A2 type were not detected in this study. A total of 16 different physiological races were detected. The race 1.2.3.4.5.6.7.8.9.10.11 was the dominant species in Longhai and Fu'an cities, and the race 1.2.3.4.5.6.7.8.10 was the dominant species in Xiapu county. All of the isolates contained at least six virulence genes. Three mtDNA haplotypes (I a, II a and II b) were detected in this study, among which, I a type included 55 isolates (22 isolates in Longhai city, 8 isolates in Fu'an city and 25 isolates in Xiapu county), accounting for 57.29%, II a type included 32 isolates (2 isolates in Longhai city, 25 isolates in Fu'an city and 5 isolates in Xiapu county), accounting for 33.33%, and II b type included 9 isolates (7 isolates in Fu'an city and 2 isolates in Xiapu county), accounting for 9.37%. The results

收稿日期: 2020-12-03

修订日期: 2021-01-15

基金项目: 福建省省属公益类科研院所基本科研专项(2019R1024-4); 闽宁合作项目(DWX-2018035); 福建省农业科学院科技创新团队(CXTD2021002-1)

* 通信作者 E-mail: chenqh@faas.cn

indicated that the composition of *P. infestans* populations was getting more and more complex in Fujian province.

Key words *Phytophthora infestans*; mating type; physiological race; mitochondrial DNA haplotype

马铃薯是继水稻、小麦、玉米之后的世界第四大粮食作物,我国已成马铃薯生产和消费第一大国,近年来种植面积更是呈现逐年增加的趋势。由致病疫霉 *Phytophthora infestans* 引起的晚疫病是马铃薯生产上的一种毁灭性病害,一般年份减产 10%~20%,严重时减产 50%以上,甚至绝收^[1]。该病在世界各马铃薯主产区均有发生和流行,我国每年因晚疫病造成的经济损失高达 20 亿美元^[2]。

马铃薯晚疫病菌群体结构的组成与变异直接影响着病害的发生与流行,了解晚疫病菌群体特征及变异特点是控制晚疫病危害的必要前提。交配型是马铃薯晚疫病菌重要的群体结构特征之一,晚疫病菌存在 A1、A2 两种交配型,两者可通过异宗配合进行有性生殖产生卵孢子,而自育型菌株单独培养便可产生卵孢子。卵孢子的抗逆性强,能在土壤中越冬并成为翌年初侵染源,而且在有性生殖过程中会发生基因重组,有可能会产生致病力更强的后代群体。生理小种是晚疫病菌遗传多样性的重要表现型,1953 年,Black 等^[3]提出了马铃薯晚疫病菌生理小种命名后,各国学者相继报道了马铃薯晚疫病菌生理小种组成,且发现小种类型不断趋于复杂化,复合小种类型已占主导地位。近年来,能克服 11 个主效抗性基因的超级小种在各省普遍出现,甚至已成为优势小种^[4-7]。线粒体 DNA 单倍型因其结构简单,进化速度快,且为单亲遗传,已被广泛用于马铃薯晚疫病菌的遗传多样性分析^[8]。Griffith 等利用 PCR-RFLP 方法将线粒体单倍型分为 I a, I b, II a, II b 4 种类型^[9]。国内学者研究发现这 4 种单倍型在我国不同地区的分布情况不尽相同^[5,10]。

近年来,随着种薯的频繁调运,病原菌传播速度加快,马铃薯晚疫病所造成的危害日趋严重,对马铃薯产业持续稳定发展构成巨大威胁。因此,及时监测马铃薯晚疫病菌群体特征及动态变化对该病害综合治理具有重要的意义。近几年对福建省晚疫病菌群体结构的系统研究鲜有报道。本研究对福建省部分马铃薯主栽区晚疫病菌的交配型、生理小种及线粒体 DNA 单倍型进行分析,旨在明确马铃薯晚疫病菌群体结构组成及分布,从而为抗病品种选育和马铃薯晚疫病的有效防控提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 材料

供试菌株:2017 年—2019 年在福建省龙海市、福安市、霞浦县马铃薯主产区采集具有典型晚疫病症状的病叶,按郑小波^[11]的方法进行病原菌分离纯化,共获得 96 株马铃薯晚疫病菌。

标准菌株:测定晚疫病菌交配型的 A1、A2 标准菌株由美国康奈尔大学 Fry W E 博士惠赠。

鉴别寄主:从黑龙江省农业科学院引入一套完整的马铃薯晚疫病菌生理小种鉴别寄主,由 11 个含主效抗病单基因(R1~R11)的抗病品种和 1 个无抗病基因的感病品种(r)组成,均为无菌保存的试管苗。

1.2 交配型测定

采用对峙培养方法测定各菌株的交配型。将待测菌株与 A1、A2 交配型标准菌株分别接种至黑麦培养基上,在 18~20℃ 黑暗条件下培养 10~15 d 后,在新鲜菌落边缘打取直径 7 mm 菌饼,转移至新鲜黑麦培养基上,待测菌株与标准菌株以 2.5 cm 的间距对峙培养,另设待测菌株单独培养,在 18~20℃ 黑暗条件下培养 15~20 d 后,在显微镜下观察各待测菌株与标准菌株对峙培养的菌落交界处及单独培养的菌落是否产生卵孢子。若待测菌株仅与 A1 标准菌株产生卵孢子则为 A2 交配型,仅与 A2 标准菌株产生卵孢子则为 A1 交配型,与 A1、A2 标准菌株均产生卵孢子,但单独培养未发现卵孢子为 A1A2 型,单独培养即能产生卵孢子的为自育型。

1.3 生理小种测定

1.3.1 孢子悬浮液的制备

晚疫病菌菌株在黑麦培养基上 18~20℃ 黑暗培养 1~2 周后,移至经表面消毒的不含主效抗病基因的新鲜薯片(‘费尔瑞它’)上,使其产生孢子囊并恢复致病力。7~10 d 后,从薯片上刮下菌丝至装有灭菌水的离心管中,振荡洗下孢子囊,过滤后用血球计数板计数,将悬浮液中的孢子囊数调至约 5×10^4 个/mL,4℃ 冰箱内静置 2~3 h,低温刺激游动孢子释放后用于接种。

1.3.2 鉴别寄主的种植

鉴别寄主(试管苗)在 MS 培养基上培养 20 d 左右,移栽至以蛭石为基质的花盆中,浇以 MS 营养液,在温室 18~25℃条件下生长 6~8 周后备用。

1.3.3 人工接种鉴定生理小种

采用离体叶片接种法鉴定晚疫病菌生理小种。取鉴别寄主植株中部复叶的小叶片(生育期基本一致),用灭菌水将叶面冲洗干净,阴干后背面朝上放置在装有无菌的 1.5% 水琼脂培养基的培养皿内,用微量移液器吸取 20 μL 游动孢子悬浮液接种于叶脉侧面,每个菌株接种 1 套鉴别寄主,每个鉴别寄主接种 4 片叶片,每处理 3 次重复。接种后于 18~20℃黑暗培养过夜,第 2 天将叶片翻转,置于 18~20℃光照培养箱中(L/D=16 h/8 h)进行保湿(湿度不低于 95%)培养,第 7~10 天观察接种部位是否出现症状。接种部位形成病斑并产生菌丝和孢子囊的即为感病型,接种部位无症状或只有坏死斑但无孢子囊产生的即为抗病型。每个菌株至少使 4 片叶中的 3 片叶发病,才称其具有毒力,否则要继续进行重复试验。

1.3.4 生理小种的确定

根据马铃薯与晚疫病菌的互作关系符合基因对基因学说,确定菌株对所有鉴别寄主的抗病/感病情况后,根据 Black 等^[3]提出的马铃薯晚疫病菌生理小种国际命名方案,确定生理小种类型。根据晚疫病菌在 12 个鉴别寄主上引起的反应,相应地命名为小种 0;1;2;……及小种 1.2.3.4.5.6.7.8.9.10.11。所有小种都能侵染不具任何抗病基因的感病品种(r)。

1.4 mtDNA 单倍型分析

1.4.1 基因组 DNA 提取

供试晚疫病菌菌丝体培养和收集参考连延浩等的方法^[12]。采用植物 DNA 提取试剂盒提取菌丝基因组 DNA,紫外分光光度计检测 DNA 的浓度和纯度,并用 TE 缓冲液稀释至 50 ng/ μL 待用。

1.4.2 引物的选择

参照 Griffith 等^[9]的方法选择 2 对引物(F2: 5'-TTCCCTTTGTCTCTACCGAT-3'/R2: 5'-TTACG-GCGTTTAGCACATACA-3';F4: 5'-TGGTCATC-CAGAGGTTTATGTT-3'/R4: 5'-CCGATACCGAT-ACCAGCACCAA-3')进行 PCR 扩增,引物由生工生

物工程(上海)股份有限公司合成,产物分别为 P2、P4,片段长度分别为 1 070 bp 和 964 bp。

1.4.3 PCR 扩增

以晚疫病菌 DNA 为模板,分别用 F2/R2 和 F4/R4 进行 PCR 扩增。反应体系为 25 μL : 10 $\times$ PCR buffer (Mg^{2+} free) 2.5 μL , 25 mmol/L MgCl_2 2.0 μL , 2.5 mmol/L 的 dNTPs 2.0 μL , 5 U/ μL 的 *Taq* DNA 聚合酶 0.2 μL , 10 $\mu\text{mol/L}$ 的上、下游引物各 1.0 μL , DNA 模板 1.0 μL , 用无菌超纯水补足 25 μL 。PCR 扩增程序为: 94℃ 预变性 90 s; 94℃ 变性 40 s, 55℃ 退火 60 s, 72℃ 延伸 90 s, 40 个循环; 72℃ 延伸 90 s。扩增结束后取 5.0 μL PCR 产物用含 0.5 $\mu\text{g/mL}$ EB 的 2.0% 琼脂糖凝胶电泳检测,在凝胶成像系统上观察结果并拍照。

1.4.4 mtDNA 单倍型分析

PCR 扩增产物 P2 和 P4 分别用限制性内切酶 *Msp* I 和 *Eco*R I 酶切。酶切体系 20 μL : 10 $\times$ PCR Buffer 2.0 μL , BSA 0.2 μL , *Msp* I 或 *Eco*R I 0.5 μL , 产物 P2 或 P4 15 μL , 用无菌超纯水补足 20 μL 。37℃ 水浴消化过夜。酶切产物经琼脂糖凝胶电泳检测后,再根据 P2 产物经 *Msp* I 酶切和 P4 产物经 *Eco*R I 酶切后的结果对晚疫病菌线粒体 DNA 单倍型进行分析。被测样本的 P2 产物被 *Msp* I 酶切后, I a mtDNA 单倍型可产生 350、720 bp 2 个片段, I b mtDNA 单倍型可产生 79、350、641 bp 3 个片段, II a mtDNA 单倍型可产生 147、203、720 bp 3 个片段, II b mtDNA 单倍型可产生 350、720 bp 2 个片段;被测样本的 P4 产物被 *Eco*R I 酶切后, I a mtDNA 单倍型可产生 209、361、394 bp 3 个片段, I b mtDNA 单倍型可产生 209、361、394 bp 3 个片段, II a mtDNA 单倍型可产生 361、603 bp 2 个片段, II b mtDNA 单倍型可产生 361、603 bp 2 个片段。

2 结果与分析

2.1 马铃薯晚疫病菌的交配型组成、发生频率及地理分布

对采自福建省的 96 株马铃薯晚疫病菌进行交配型测定,结果(表 1)显示,龙海市 24 株、福安市 40 株中的 35 株、霞浦县 32 株为自育型菌株,即不需交配即能产生卵孢子,占供试菌株 94.79%,福安市有

5 株为 A1 交配型,占供试菌株 5.21%,供试群体中未发现 A2 交配型和 A1A2 型菌株。

表 1 2017 年—2019 年福建省不同地区马铃薯晚疫病菌交配型组成及发生频率

Table 1 Composition and frequencies of the mating types of *Phytophthora infestans* population on potato in different areas of Fujian during 2017—2019

地区 Area	菌株数/株 Isolate	A1 交配型		自育型	
		A1 mating type		Self-fertile type	
		株数/株 Isolate	频率/% Frequency	株数/株 Isolate	频率/% Frequency
龙海市 Longhai	24	0	0	24	25.00
福安市 Fu'an	40	5	5.21	35	36.46
霞浦县 Xiapu	32	0	0	32	33.33
总计 Total	96	5	5.21	91	94.79

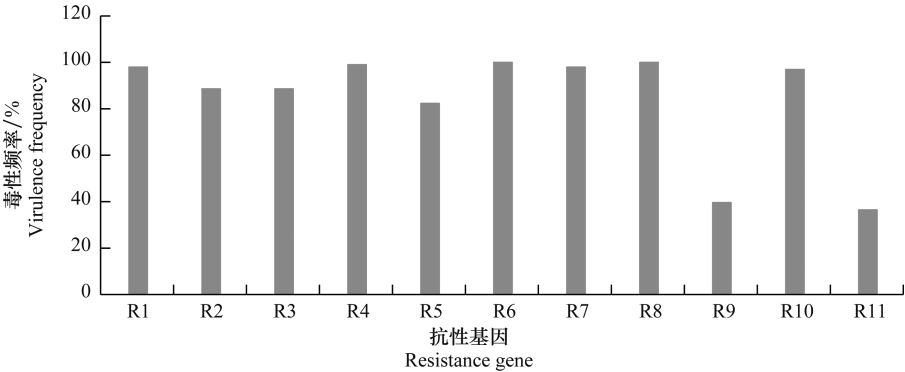


图 1 福建省部分马铃薯产区晚疫病菌对已知抗性基因的毒性频率

Fig. 1 Virulence frequencies of *Phytophthora infestans* isolates collected from part of potato producing areas in Fujian province to major resistance genes

从表 2 可以看出,96 个菌株中共检测出 16 个生理小种类型,每种类型含有 6~11 个毒性基因,其中龙海市以生理小种 1.2.3.4.5.6.7.8.9.10.11 发生最普遍,出现频率为 8.33%,其次为 1.3.4.5.6.7.8.10 和 1.2.3.4.6.7.8.10,出现频率均为 4.12%;福安市以生理小种 1.2.3.4.5.6.7.8.9.10.11 发生最普遍,出现频率为 12.50%,其次为 1.3.4.5.6.7.8.10 和 1.2.4.5.6.7.8.10,出现频率分别为 7.29%和 6.25%;霞浦县以生理小种 1.2.3.4.5.6.7.8.10 发生最普遍,出现频率为 16.67%,其次为 1.2.3.4.5.6.7.8.9.10.11 和 1.2.3.4.6.7.8.10,出现频率均为 5.21%;其他小种的出现频率在 1.04%~3.13%。该结果表明福建省部分马铃薯产区晚疫病菌不仅生理小种组成复杂,而且其毒性基因构成也相当复杂。

2.2 马铃薯晚疫病菌毒性基因鉴定及生理小种组成分析

利用 11 个含主效抗病单基因及 1 个不含抗病基因的一套鉴别寄主,采用离体叶片接种法测定马铃薯晚疫病菌的生理小种,结果(图 1)显示:福建省部分产区晚疫病菌可以克服 11 个已知的抗性基因 R1~R11,但晚疫病菌群体对各个抗性基因的毒性频率存在差异,对 R6、R8 的毒性频率均为 100%,其次为 R4、R1、R7、R10,毒性频率分别为 98.96%、97.92%、97.92%、96.88%,对 R2、R3、R5 的毒性频率也较高,分别为 88.54%、88.54%、82.29%,对 R9、R11 的毒性频率较低,分别为 39.58%、36.46%。

2.3 马铃薯晚疫病菌 mtDNA 单倍型分析

2.3.1 马铃薯晚疫病菌 mt DNA 的 PCR 扩增

使用 F2/R2 和 F4/R4 2 对引物分别对 96 株马铃薯晚疫病菌基因组 DNA 进行 PCR 扩增,扩增结果(图 2)显示,P2 产物为 1 070 bp,P4 产物为 964 bp。

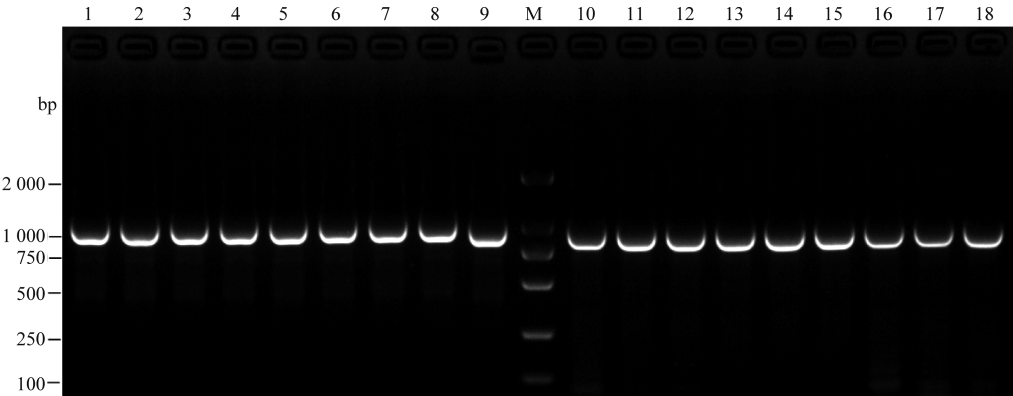
2.3.2 马铃薯晚疫病菌 mtDNA 单倍型分析

所测的 96 株晚疫病菌中,共发现 I a、II a、II b 3 种 mt DNA 单倍型(部分结果见图 3),其中龙海市,I a 型 22 株(占总株数 22.92%,下同),II a 型 2 株(2.08%),福安市,I a 型 8 株(8.33%),II a 型 25 株(26.04%),II b 型 7 株(7.29%),霞浦县,I a 型 25 株(26.04%),II a 型 5 株(5.21%),II b 型 2 株(2.08%)。在所有菌株中均未检测到 I b 单倍型(表 3)。龙海市和霞浦县优势 mtDNA 单倍型均为 I a 型,而福安市则为 II a 型。

表 2 福建省马铃薯晚疫病菌生理小种类型、频率及地理分布

Table 2 Physiological races, frequencies and geographical distribution of *Phytophthora infestans* on potato in Fujian province

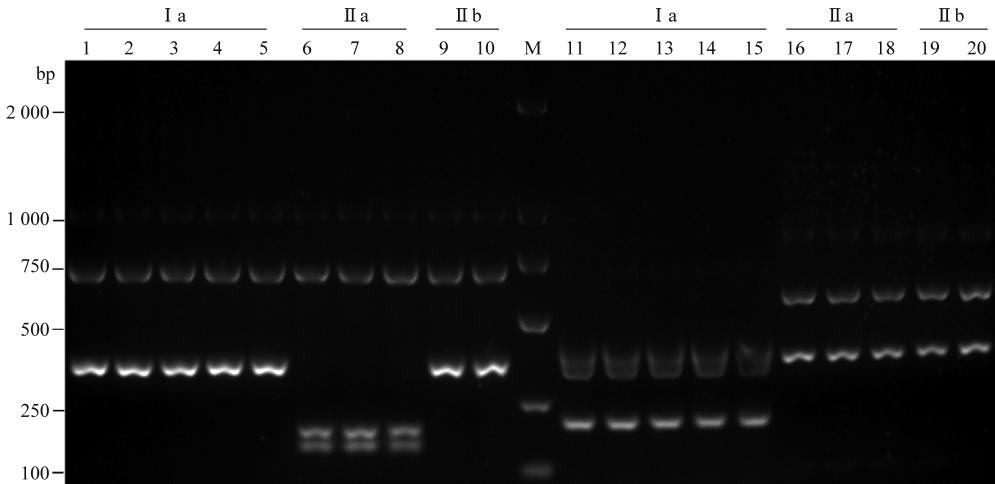
小种 Race	龙海市 Longhai		福安市 Fu'an		霞浦县 Xiapu	
	菌株数/株 Isolate	频率/% Frequency	菌株数/株 Isolate	频率/% Frequency	菌株数/株 Isolate	频率/% Frequency
2. 4. 6. 7. 8. 10	0	0. 00	2	2. 08	0	0. 00
1. 2. 4. 5. 6. 7. 8. 10	1	1. 04	6	6. 25	0	0. 00
1. 2. 3. 4. 6. 7. 8. 10	4	4. 12	3	3. 13	5	5. 21
1. 2. 3. 4. 6. 8. 9. 11	0	0. 00	0	0. 00	1	1. 04
1. 3. 4. 5. 6. 7. 8. 10	4	4. 12	7	7. 29	0	0. 00
1. 2. 3. 4. 5. 6. 7. 8. 9	0	0. 00	0	0. 00	1	1. 04
1. 2. 3. 4. 5. 6. 7. 8. 10	1	1. 04	4	4. 12	16	16. 67
1. 2. 3. 6. 7. 8. 9. 10. 11	1	1. 04	0	0. 00	0	0. 00
1. 2. 4. 5. 6. 7. 8. 9. 10	1	1. 04	0	0. 00	0	0. 00
1. 2. 4. 5. 6. 7. 8. 10. 11	0	0. 00	0	0. 00	1	1. 04
1. 2. 3. 4. 5. 6. 7. 8. 9. 10	1	1. 04	4	4. 12	1	1. 04
1. 2. 3. 4. 5. 6. 7. 8. 9. 11	1	1. 04	0	0. 00	0	0. 00
1. 2. 3. 4. 5. 6. 7. 8. 10. 11	1	1. 04	2	2. 08	1	1. 04
1. 2. 3. 4. 5. 6. 8. 9. 10. 11	1	1. 04	0	0. 00	0	0. 00
1. 2. 3. 4. 6. 7. 8. 9. 10. 11	0	0. 00	0	0. 00	1	1. 04
1. 2. 3. 4. 5. 6. 7. 8. 9. 10. 11	8	8. 33	12	12. 50	5	5. 21



M: DL2000 DNA marker; 1~9: 引物F2/R2扩增产物; 10~18: 引物F4/R4扩增产物
M: DL2000 DNA marker; 1-9: PCR products amplified by primer pairs F2/R2; 10-18: PCR products amplified by primer pairs F4/R4

图 2 引物 F2/R2 和 F4/R4 对马铃薯晚疫病菌 PCR 扩增结果

Fig. 2 PCR products of *Phytophthora infestans* isolated from potato with primer pairs F2/R2 and F4/R4



M: DL2000 DNA marker; 1~10: F2/R2引物扩增产物P2经Msp I 酶切结果; 11~20: F4/R4引物扩增产物P4经EcoR I 酶切结果
M: DL2000 DNA marker; 1-10: Digestion of P2 products amplified by F2/R2 with Msp I ; 11-20: Digestion of P4 products amplified by F4/R4 with EcoR I

图 3 Msp I 和 EcoR I 对马铃薯晚疫病菌 mtDNA P2 和 P4 扩增产物酶切结果

Fig. 3 Digestion of *Phytophthora infestans* mtDNA P2 and P4 products with Msp I and EcoR I

表 3 福建省马铃薯晚疫病菌 mtDNA 单倍型鉴定及分布

Table 3 Identification and distribution of the mitochondrial DNA haplotypes of *Phytophthora infestans* population on potato in Fujian province

地区 Area	菌株数/株 Isolate	I a		II a		II b	
		株数/株 Isolate	频率/% Frequency	株数/株 Isolate	频率/% Frequency	株数/株 Isolate	频率/% Frequency
龙海市 Longhai	24	22	22.92	2	2.08	0	0.00
福安市 Fu'an	40	8	8.33	25	26.04	7	7.29
霞浦县 Xiapu	32	25	26.04	5	5.21	2	2.08
总计 Total	96	55	57.29	32	33.33	9	9.37

3 讨论

20 世纪 80 年代后在英国、美国、日本、德国、荷兰、匈牙利、俄罗斯、瑞士、挪威等国检测到少量晚疫病菌自育型菌株^[10]。中国自 20 世纪 60 年代发现自育型晚疫病菌株后^[13],四川、内蒙古、甘肃等省也陆续发现了自育型菌株^[14-18]。2001 年—2007 年福建省 11 个县市 187 株晚疫病菌交配型鉴定结果显示,仅在 2006 年发现 1 株自育型菌株^[19]。本研究测定了 2017 年—2019 年采自福建省龙海市、福安市、霞浦县的 96 株晚疫病菌交配型,结果显示,除了来自福安市 5 个菌株为 A1 交配型外,其余 91 株均为自育型,可见福建省晚疫病菌群体结构发生了很大变化。该结果与方治国^[20] 2011 年采自福建省 218 株晚疫病菌鉴定结果全部为自育型菌株相似。

本试验从 2017 年—2019 年采自福建省的 96 个菌株中测定出 16 个生理小种类型,每种类型含有 6~11 个毒性基因,全谱型小种 1. 2. 3. 4. 5. 6. 7. 8. 9. 10. 11 已成为福安市和龙海市的优势小种类型。与李本金等^[19] 2008 年报道的福建省马铃薯晚疫病菌生理小种检测结果相比,此次检测到毒性基因组合更加复杂,“超级生理小种”频繁出现并成为优势小种,这种趋势与国内外相关报道^[4,21-23] 结果一致,其原因可能与福建省大面积栽培含有主效抗病基因的马铃薯品种、各地频繁的引种调种以及大量出现马铃薯晚疫病菌自育型菌株有关。福建省马铃薯晚疫病菌生理小种组成的复杂性给育种工作带来很大难度,因此在挖掘新的抗原和选育抗性品种的同时,应选择无病种薯,并且密切关注晚疫病菌生理小种变化情况。

国外对晚疫病菌群体 mtDNA 单倍型多态性的研究认为, I b 类型代表晚疫病菌在第二次全球迁移之前形成的“旧”群体, I a、II a、II b 3 种类型代表晚疫病菌在第二次全球迁移之后形成的“新”群体^[24-25]。本文发现 2017 年后福建马铃薯晚疫病菌 mtDNA 单倍型发生明显变化,由之前报道的 I b、II a

和 II b 型^[26]演变成了 I a、II a、II b 型,且 II b 为优势 mtDNA 单倍型演变成了 I a 或 II a 为优势 mtDNA 单倍型,其原因可能与福建省每年都是从北方和周边主产区调入大量的种薯有关,在调入种薯的同时,不同线粒体单倍型的晚疫病菌也跟随着种薯被带进福建不同产区。本研究未检测到 I b 单倍型,该结果与福建、云南、青海、黑龙江等省^[8,10,12,27] 的报道一致,说明被检测地区的马铃薯晚疫病菌均为“新”群体,从而导致马铃薯晚疫病菌遗传结构更加复杂。因此,除了加快抗性品种选育的进程外,还需要持续对晚疫病菌群体演变趋势进行监测,以便能准确预测晚疫病的危害和流行趋势,科学有效地指导病害的合理控制。

参考文献

[1] 王腾,孙继英,汝甲荣,等. 中国马铃薯晚疫病菌交配型研究进展[J]. 中国马铃薯, 2018, 32(1): 48-53.

[2] 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.

[3] BLACK W, MASTENBROEK C, MILLS W R, et al. A proposal for an international nomenclature of races of *Phytophthora infestans* and of genes controlling immunity in *Solanum demissum* derivatives [J]. Euphytica, 1953, 2(3): 173-179.

[4] 李洪浩,彭化贤,席亚东,等. 四川马铃薯晚疫病菌交配型、生理小种、甲霜灵敏感性及 mtDNA 单倍型组成分析[J]. 中国农业科学, 2013, 46(4): 728-736.

[5] TIAN Yue'e, YIN Junliang, SUN Jieping, et al. Population genetic analysis of *Phytophthora infestans* in northwestern China [J]. Plant Pathology, 2016, 65(1):17-25.

[6] 王鹤. 2009 年中国 4 省马铃薯晚疫病菌群体特性分析及其交配型分子标记的开发[D]. 保定: 河北农业大学, 2011.

[7] 韩森,汪晓雯,黄琛,等. 甘肃和内蒙古地区马铃薯晚疫病菌的致病型[J]. 植物保护, 2014, 40(2): 146-150.

[8] 韩丽丽,杨策,潘贤,等. 福建省马铃薯晚疫病菌线粒体 DNA 单倍型分析[J]. 激光生物学报, 2014, 23(2):165-169.

[9] GRIFFITH G W, SHAW D S. Polymorphisms in *Phytophthora infestans*: four mitochondrial haplotypes are detected after PCR amplification of DNA from pure cultures or from host lesions [J]. Applied and Environmental Microbiology, 1998, 64(10): 4007-4014.

参考文献

- [1] SPARKS A N. A review of the biology of the fall armyworm [J]. Florida Entomologist, 1979, 62(2): 82–87.
- [2] JING Daping, GUO Jingfei, JIANG Yuying, et al. Initial detections and spread of invasive *Spodoptera frugiperda* in China and comparisons with other noctuid larvae in cornfields using molecular techniques [J]. Insect Science, 2020, 27(4): 780–790.
- [3] 郭井菲, 何康来, 王振营. 草地贪夜蛾的生物学特性、发展趋势及防控对策[J]. 应用昆虫学报, 2019, 56(3): 361–369.
- [4] 姜玉英, 刘杰, 谢茂昌, 等. 2019 年我国草地贪夜蛾扩散为害规律观测[J]. 植物保护, 2019, 45(6): 10–19.
- [5] ROSS S E, OSTLIE K R. Dispersal and survival of early instars of European corn borer (Lepidoptera: Pyralidae) in field corn [J]. Journal of Economic Entomology, 1990, 83(3): 831–836.
- [6] BLANCO C A, CHIARAVALLE W, DALLA-RIZZA M, et al. Current situation of pests targeted by Bt crops in Latin America [J]. Current Opinion in Insect Science, 2016, 15: 131–138.
- [7] SZENDREI Z, KRAMER M, WEBER D C. Habitat manipulation in potato affects Colorado potato beetle dispersal [J]. Journal of Applied Entomology, 2010, 133(9/10): 711–719.
- [8] 吴雨珊, 龚万灼, 杨文钰, 等. 带状套作复光后不同大豆品种干物质积累模型与特征分析[J]. 中国生态农业学报, 2017, 25(4): 572–580.
- [9] 李立坤, 左传宝, 于福兰, 等. 肥料减施下玉米-大豆间作对作物产量和昆虫群落组成及多样性的影响[J]. 植物保护学报, 2019, 46(5): 980–988.
- [10] 朱有勇, 李成云, 李正跃, 等. 农业生物多样性控制病虫害发展研究[C]//中国科学技术协会. 2012—2013 植物保护学科发展报告. 北京: 中国科学技术出版社, 2014: 160–198.
- [11] 陈斌, 和淑琪, 张立敏, 等. 甘蔗间作玉米对亚洲玉米螟发生为害的控制作用[J]. 植物保护学报, 2015, 42(4): 591–597.
- [12] MONTEZANO D G, SPECHT A, SOSA-GÓMEZ D R, et al. Host plants of *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae) in the Americas [J]. African Entomology, 2018, 26(2): 286–301.
- [13] CHEN Yu, GUO Jingfei, GAO Zupeng et al. Performance of *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae) fed on six host plants: Potential risks to mid-high latitude crops in China [J]. Journal of Agricultural Science, 2020, 12(10): 9752–9760.
- [14] DAVIS F M, NG S S, WILLIAMS W P. Visual rating scales for screening whorl-stage corn for resistance to fall armyworm [R]. Technical Bulletin (Mississippi Agricultural and Forestry Experiment Station), 1992, 186: 1–9.
- [15] BELL W J. Searching behavior patterns in insects [J]. Annual Review of Entomology, 1990, 35(1): 447–467.
- [16] PANNUTI L E R, PAULA-MORAES S V, HUNT T E, et al. Plant-to-plant movement of *Striacosta albicosta* (Lepidoptera: Noctuidae) and *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae) in maize (*Zea mays*) [J]. Journal of Economic Entomology, 2016, 109(3): 1125–1131.
- [17] BARROS E M, TORRES J B, RUBERSON J R, et al. Development of *Spodoptera frugiperda* on different hosts and damage to reproductive structures in cotton [J]. Entomologia Experimentalis et Applicata, 2010, 137(3): 237–245.
- (责任编辑: 杨明丽)
- (上接 109 页)
- [10] 赵志坚, 曹继芬, 李灿辉, 等. 云南致病疫霉交配型、甲霜灵敏感性、mtDNA 单倍型及其群体演替研究[J]. 中国农业科学, 2007, 40(4): 727–734.
- [11] 郑小波. 疫霉菌及其研究技术[M]. 北京: 中国农业出版社, 1997.
- [12] 连延浩, 叶广继, 王舰. 青海马铃薯晚疫病病菌线粒体 DNA 单倍型鉴定及分析[J]. 植物病理学报, 2012, 42(2): 164–168.
- [13] 黄河, 程汉清, 徐天宇, 等. 我国北部马铃薯晚疫病病菌生理小种的发生和变化[J]. 植物病理学报, 1981, 11(1): 45–49.
- [14] 赵青, 郑峥, 李颖, 等. 四川省马铃薯晚疫病病菌群体表型和遗传变异的分析[J]. 菌物学报, 2016, 35(1): 52–62.
- [15] 杨继峰, 朱小琼, 国立耘, 等. 内蒙古西部地区马铃薯晚疫病病菌的交配型分布及对 3 种杀菌剂的敏感性[J]. 华北农学报, 2011, 26(5): 16–20.
- [16] 张大为, 惠娜娜, 王立, 等. 甘肃省马铃薯致病疫霉交配型组成及其对甲霜灵的抗药性[J]. 西北农业学报, 2014, 23(6): 184–188.
- [17] 张铨哲. 黑龙江省马铃薯晚疫病病菌群体结构研究[D]. 哈尔滨: 东北农业大学, 2015.
- [18] 宋俊丽, 朱杰华, 杨志辉, 等. 宁夏固原致病疫霉群体结构特征[J]. 植物保护学报, 2012, 39(5): 418–424.
- [19] 李本金, 吕新, 兰成忠, 等. 福建省致病疫霉交配型、甲霜灵敏感性及生理小种组成分析[J]. 植物保护学报, 2008, 35(5): 453–457.
- [20] 方治国. 中国马铃薯晚疫病病菌交配型与无毒基因多样性分析[D]. 福州: 福建农林大学, 2013.
- [21] 马云芳, 孙洁平, 马丽杰, 等. 一个马铃薯种质资源圃致病疫霉群体的分析[J]. 菌物学报, 2013, 32(5): 802–811.
- [22] 杨丽娜, 段国华, 覃雁瑜, 等. 2012 年云南省会泽县马铃薯晚疫病病菌小种结构分析[J]. 热带作物学报, 2016, 37(1): 158–163.
- [23] RUNNO-PAURSON E, RONIS A, HANSEN M, et al. Lithuanian populations of *Phytophthora infestans* revealed a high phenotypic diversity [J]. Journal of Plant Diseases and Protection, 2015, 122 (2): 57–65.
- [24] GOODWIN S B. The population genetics of *Phytophthora* [J]. Phytophthology, 1997, 87: 462–473.
- [25] GAVINO P D, FRY W E. Diversity in and evidence for selection on the mitochondrial genome of *Phytophthora infestans* [J]. Mycologia, 2002, 94(5): 781–793.
- [26] LI Benjin, CHEN Qinghe, LÜ Xin, et al. Phenotypic and genotypic characterization of *Phytophthora infestans* isolates from China [J]. Journal of Phytopathology, 2009, 157(9): 558–567.
- [27] 田荟遥, 蒋继志, 李成斌, 等. 东北三省致病疫霉线粒体 DNA 单倍型鉴定分析及生物学特性研究[J]. 河北农业大学学报, 2018, 41(5): 25–31.
- (责任编辑: 杨明丽)