

宁夏马铃薯晚疫病菌交配型和生理小种研究

王喜刚, 郭成瑾, 张丽荣, 胡丽杰, 沈瑞清*

(宁夏农林科学院植物保护研究所, 银川 750002)

摘要 为明确宁夏回族自治区马铃薯主产区晚疫病菌的交配型种类以及生理小种的类型、组成和分布,为宁夏有针对性地选育马铃薯抗晚疫病品种提供科学依据。利用 A1、A2 交配型标准菌株和含有 11 个主效抗性基因的鉴别寄主,对 2018 年—2019 年从原州区、泾源县、彭阳县、隆德县、西吉县、盐池县、海原县采集得到的 130 个马铃薯晚疫病菌株进行交配型和生理小种鉴定。结果表明,宁夏马铃薯晚疫病菌群体的交配型和生理小种存在多样性,采集地交配型有 A1、A2、SF(自育型)3 类,分别占被测菌株的 30%、63.8%、6.2%;生理小种有 8 种类型,其中生理小种 1.2.3.4.5.6.7.8.9.10.11 发生频率最高,占被测菌株总数的 44.62%,是宁夏马铃薯主栽区的晚疫病菌优势小种,在各测试地均有分布;次优势小种为 3.4.10 和 1.2.3.5.6.7.8.11,发生频率分别为 12.31%和 10.77%。宁夏不同种植区域马铃薯晚疫病菌交配型组成复杂,采集地组成差异较大,但西吉县、原州区交配型年度间的变化基本趋于一致。宁夏马铃薯晚疫病菌群体组成日趋复杂,生产中要合理布局已有抗病品种,挖掘培育抗病水平高的新品种,综合防控马铃薯晚疫病。

关键词 马铃薯晚疫病; 交配型; 生理小种; 宁夏

中图分类号: S435.32 **文献标识码:** A **DOI:** 10.16688/j.zwbh.2020545

Investigation of mating type and physiological race of *Phytophthora infestans* from Ningxia

WANG Xigang, GUO Chengjin, ZHANG Lirong, HU Lijie, SHEN Ruiqing*

(Institute of Plant Protection, Ningxia Academy of Agriculture and Forestry Sciences, Yinchuan 750002, China)

Abstract The present study was conducted to determine mating types of *Phytophthora infestans* and the types, composition and distribution of physiological race in Ningxia Hui Autonomous, so as to provide references for late blight resistance breeding in potato and disease control. 130 isolates from potato collected from Yuanzhou district, Jingyuan county, Pengyang county, Longde county, Xiji county, Yanchi county and Haiyuan county from 2018 to 2019 were tested with A1, A2 mating type and 11 mono-gene R1 – R11 potato clones of potato late blight differential host. The results showed that the mating type and physiological races of *P. infestans* populations in Ningxia are diversified. The mating types at the collection site are A1, A2, and SF (self-fertility mating type), accounting for 30%, 63.8% and 6.2% of the tested strains, respectively. There are eight types of physiological races, among which the physiological race 1.2.3.4.5.6.7.8.9.10.11 has the highest occurrence frequency, accounting for 44.62% of the total number of the tested strains, which was the dominant race in the main potato cultivation area in Ningxia and distributed in each test site. The secondary dominant races were 3.4.10 and 1.2.3.5.6.7.8.11, with the frequency of 12.31% and 10.77%, respectively. The composition of mating type of *P. infestans* in different planting areas of Ningxia is complex, and the composition of collection sites is quite different, but the annual variation of mating type in Xiji and Guyuan regions tends to be consistent. The composition of potato late blight population in Ningxia is becoming more and more complex. In production, it is necessary to rationally arrange available disease-resistant varieties, dig out and cultivate new varieties with high

收稿日期: 2020-10-19 修订日期: 2021-03-25

基金项目: 宁夏农林科学院对外科技合作专项(DWX-2018035);第五批“自治区青年科技人才托举工程”(NXKJ TJGC2020027);宁夏回族自治区自然科学基金(2020AAC03315);宁夏农林科学院科技创新引导项目(NKYG-18-07)

* 通信作者 E-mail:srqzh@sina.com

disease resistance, for potato late blight control.

Key words potato late blight; mating type; physiological race; Ningxia

马铃薯是我国第四大重要粮食作物,具有土壤适应性强、营养丰富、产量高、综合加工用途广等特性。马铃薯生长过程中易受早疫病、环腐病、晚疫病、黑痣病以及马铃薯虫害的影响,其中晚疫病是马铃薯生产中最具威胁性的病害之一。马铃薯晚疫病是由致病疫霉 *Phytophthora infestans* 引起的一种毁灭性病害,严重发病时导致马铃薯茎叶大面积枯死、块茎腐烂,一般可造成马铃薯减产 20%~50%^[1],我国每年因马铃薯晚疫病造成的损失达 10 亿美元^[2]。宁夏南部山区是宁夏马铃薯的主要种植区,近年来,随着马铃薯种植结构的变化,加之地理环境和气候环境的改变,马铃薯晚疫病逐年趋于加重,造成马铃薯的产量不断降低和品质不断下降,严重制约当地马铃薯产业的可持续发展和转型。

马铃薯晚疫病菌属于异宗配合卵菌,存在 A1、A2 两个交配型,两者可通过异宗配合进行有性生殖产生有性后代卵孢子,成为翌年主要的初侵染源,并且当不同交配型同时存在时马铃薯晚疫病菌适应性和变异性增强^[3]。20 世纪 80 年代初,Hohl 等^[4]在瑞士发现 A2 交配型,随后其他一些国家和地区也都发现了 A2 交配型^[5-7]。1996 年,张志铭等^[8]首次在内蒙古和山西菌菌株中发现 A2 交配型;2001 年,赵志坚等^[9]报道在云南田间马铃薯叶片内发现了卵孢子,此后在河北^[10]、四川^[11]、黑龙江^[12]等地均发现了 A2 交配型菌株。交配型的研究可为解析 *P. infestans* 群体遗传结构变化提供理论基础^[13],晚疫病菌不同交配型的出现,使得晚疫病菌可以进行有性生殖和无性繁殖,导致晚疫病菌群体结构复杂化,加快了病菌变异,产生不同类型的生理小种,对晚疫病的深入研究及防治工作提出了新的挑战^[14]。

生理小种是晚疫病菌重要的表现型之一,其组成与变异直接影响到马铃薯晚疫病的发生与流行^[15-16]。1984 年,Gurtler^[17]从丹麦分离的 25 个晚疫病菌株中鉴定出 11 个不同的生理小种类型,存在 7 个毒力基因分别为 *Vir*1、*Vir* 3、*Vir* 4、*Vir* 5、*Vir* 7、*Vir* 10、*Vir* 11,其中优势小种组成为 1. 3. 4. 10。2008 年,Corbiere 等^[18]在法国的马铃薯晚疫病菌株中

发现了生理小种 1. 2. 3. 4. 5. 6. 7. 8. 9. 10. 11,该小种可克服 R1~R11 这 11 个抗病基因;20 世纪 60 年代,张明厚等^[19]开始了中国马铃薯晚疫病菌生理小种的研究,截至目前,我国内蒙古、黑龙江、吉林、云南、湖北、福建、四川、山西、河北、青海、甘肃、北京等地均报道了马铃薯晚疫病菌生理小种的鉴定结果^[20-23],现有研究都表明不同地区晚疫病菌生理小种组成逐渐趋于复杂以及类型不断增多,这些变化使得马铃薯抗晚疫病育种及晚疫病的防治工作难度增大。

孙银银^[24] 2007 年—2008 年在宁夏固原市采集的 50 株晚疫病菌菌株中发现 A2 交配型,但所占比例很小,仅为 4%。马丽杰^[25] 2009 年在原州区种质资源圃中采集的 116 株菌株中首次鉴定出自育型菌株 21 株,A2 交配型菌系出现的频率也较高,为 67 株。张芳^[26] 2009 年在固原市采集的晚疫病菌中鉴定出 75 株 A2 交配型和 25 株自育型菌株。方治国^[27] 2011 年在西吉县、彭阳县和隆德县采集的菌株经鉴定全部为自育型菌株。孙洁平^[28] 在 2009 年和 2011 年对宁夏固原市的晚疫病菌生理小种进行了研究,发现 3. 4. 10、3. 4. 6. 8. 10. 11、2. 3. 4. 5. 6. 7. 8. 9. 10. 11 等 5 种生理小种。刘浩等^[29] 2010 年鉴定西吉县马铃薯晚疫病生理小种组成为 1. 2. 3. 5. 6. 7. 8. 11。以上学者的研究时间较早,大部分都集中在 2007 年—2011 年,而且研究仅限于固原地区。随着 2015 年我国实施马铃薯主食化战略,为全面贯彻执行国家马铃薯主食化战略,宁夏积极调整马铃薯种植结构,盐池县、海原县等中部干旱带地区成为主食化马铃薯品种的主要种植区域^[30],加之马铃薯种薯的跨省跨地区调运,造成马铃薯晚疫病菌的生理小种频繁变异,类型不断复杂化,加大了马铃薯晚疫病发生的频率,为马铃薯晚疫病的防治增加了很多不确定性,严重影响了马铃薯产业的健康发展。

鉴于此,本试验利用晚疫病菌 A1、A2 交配型标准菌株和含有 11 个主效抗性基因的鉴别寄主,对宁夏南部山区和中部干旱带马铃薯主栽区的 130 个马铃薯晚疫病菌菌株进行交配型和生理小种鉴定,旨在探明马铃薯晚疫病菌的交配型发生与

分布及生理小种的变化情况,以期为生产上马铃薯晚疫病的有效防控及抗病品种的选育提供理论参考依据。

1 材料与方法

1.1 材料

供试菌株:对 2018 年—2019 年采自宁夏固原市 7 个区(县)的马铃薯主栽区晚疫病病样进行分离纯化,共获得马铃薯晚疫病菌株 130 株,其中原州区 35 株,泾源县 11 株,彭阳县 17 株,隆德县 16 株,西吉县 30 株,盐池县 11 株,海原县 10 株。

标准菌株:晚疫病菌 A1、A2 交配型标准菌株,由福建农业科学院植物保护研究所馈赠。

供试鉴别寄主:从福建农业科学院植物保护研究所引入一套完整的持有主效抗性单基因 R1、R2、R3、R4、R5、R6、R7、R8、R9、R10、R11 的鉴别寄主,均为无菌保存的试管苗。

黑麦培养基:黑麦 50 g,琼脂 20 g,去离子水 1 000 mL。

1.2 马铃薯晚疫病病菌交配型测定

在黑麦培养基上将标准菌株与待测分离物单独培养 7 d 后,用打孔器分别打取直径为 5 mm 的菌饼与 A1 和 A2 标准菌株菌饼对峙接入平板,两菌饼之间距为 1.5 cm,每个菌株 3 次重复,于 18℃ 黑暗条件下倒置培养 10~15 d 后,挑取待测菌株与标准菌株之间的少量菌丝,在显微镜下镜检菌落交界处是否产生 2 个以上卵孢子。与标准菌株 A1 产生但不与标准菌株 A2 产生卵孢子的待测菌株为 A2 交配型,与标准菌株 A2 产生但不与标准菌株 A1 产生卵孢子的待测菌株为 A1 交配型。若与 2 个标准菌株间都产生卵孢子,且自身也可产生卵孢子,则待测菌株类型为自育型^[31]。

1.3 马铃薯晚疫病病菌生理小种鉴定

1.3.1 鉴别寄主的准备

将鉴别寄主幼苗种植于以珍珠岩为基质的花盆中;如果剪断,用 10%NAA(萘乙酸)溶液泡 10 min 左右,也可使用生根粉。浇施营养液,在 20~23℃ 之间,自然光照生长 30 d 后,待幼苗长到 7~10 个复叶时,备用。

1.3.2 供试孢子悬浮液的准备

将黑麦培养基上培养 10~15 d 的待测晚疫病病菌菌株接种至经表面消毒的不携带主效基因的新鲜薯块上进行扩繁,恢复其致病力。接种 5~10 d 后,在薯块表面可观察到白色菌丝及孢子囊,从薯块表面刮取少量菌丝放入装有 4 mL 无菌水的离心管中,振荡配成孢子囊悬浮液,置于 4℃ 冰箱内静置 2~3 h,用血球计数板测数并将浓度调至约 5×10^4 个/mL,备用。

1.3.3 人工接种鉴定

采用离体叶片接种法,摘取鉴别寄主植株中部复叶的小叶片,背面朝上放置在直径为 9 cm 底部铺有已灭菌的湿滤纸的培养皿中。用微量移液器吸取 20 μ L 配制好的接种体,滴在每个小叶背面近中脉两侧,每皿放置 4 片小叶,每菌株重复 4 次,以无菌水处理为对照。接种后将叶片置于 17~18℃ 黑暗培养,第 2 天将叶片翻转,在 17~18℃ 光照培养箱中进行保湿培养(L//D=16 h//8 h),接种 7~10 d 观察菌丝体及孢子囊的形成情况。

根据接种部位症状及是否产生孢子囊鉴别寄主抗、感病型。先观察接种部位症状产生情况,再用低倍显微镜观察症状部位。1 个菌株至少使 4 片叶中的 3 片叶表现症状且产生孢子囊,判定为感病型,才能称其具有毒力,否则要继续进行重复试验^[32]。只有坏死斑点或无症状的为抗病型。准确确定菌株是否有毒力后,根据 Black 等^[33]毒性基因与鉴别寄主基因型的关系表确定其生理小种。

2 结果与分析

2.1 马铃薯晚疫病病菌交配型的测定结果

对采自宁夏 7 个县(区)的 130 株马铃薯晚疫病病菌交配型进行测定,结果如表 1 所示。在 130 个菌株中,A1 交配型 39 株,占供试菌株的 30.00%,A2 交配型 83 株,占供试菌株的 63.85%,自育型 8 株,占供试菌株的 6.15%,不同地区 3 种交配型均有分布,未发现其他类型菌株。其中 A2 交配型在被测菌株中占绝对优势,说明 A1 交配型已不是优势菌群,宁夏马铃薯晚疫病交配型组成趋于复杂化。

表 1 2018 年—2019 年宁夏马铃薯晚疫病菌交配型的鉴定

Table 1 Identification of mating type of *Phytophthora infestans* isolates collected from Ningxia from 2018 to 2019

| 采集年份 Year | 采集地点 Site | 菌株数/株 Isolate number | 交配型 Mating type | | | | | |
|--------------|--------------|----------------------------|-----------------|-------------------|-----------------|-------------------|-----------------------------------|-------------------|
| | | | A1 | | A2 | | 自育型 Self-fertility mating type | |
| | | | 株数/株 Isolate | 频率/% Frequency | 株数/株 Isolate | 频率/% Frequency | 株数/株 Isolate | 频率/% Frequency |
| 2018 | 原州区 | 19 | 2 | 10.53 | 14 | 73.68 | 3 | 15.79 |
| | 泾源县 | 6 | 4 | 66.67 | 2 | 33.33 | 0 | 0.00 |
| | 彭阳县 | 10 | 7 | 70.00 | 3 | 30.00 | 0 | 0.00 |
| | 隆德县 | 9 | 1 | 11.11 | 8 | 88.89 | 0 | 0.00 |
| | 西吉县 | 17 | 3 | 17.65 | 12 | 70.59 | 2 | 11.76 |
| | 盐池县 | 6 | 1 | 16.67 | 5 | 83.33 | 0 | 0.00 |
| | 海原县 | 6 | 1 | 16.67 | 5 | 83.33 | 0 | 0.00 |
| | 小计 | 73 | 19 | 26.03 | 49 | 67.12 | 5 | 6.86 |
| 2019 | 原州区 | 3 | 1 | 33.33 | 2 | 66.67 | 0 | 0.00 |
| | 泾源县 | 4 | 4 | 100.00 | 0 | 0.00 | 0 | 0.00 |
| | 彭阳县 | 5 | 3 | 60.00 | 2 | 40.00 | 0 | 0.00 |
| | 隆德县 | 4 | 1 | 25.00 | 3 | 75.00 | 0 | 0.00 |
| | 西吉县 | 30 | 10 | 33.33 | 18 | 60.00 | 2 | 6.67 |
| | 盐池县 | 6 | 1 | 16.67 | 4 | 66.66 | 1 | 16.67 |
| | 海原县 | 5 | 0 | 0.00 | 5 | 100.00 | 0 | 0.00 |
| | 小计 | 57 | 20 | 35.09 | 34 | 59.65 | 3 | 5.26 |
| 合计 Total | 130 | 39 | 30.00 | 83 | 63.85 | 8 | 6.15 | |

各交配型在不同地区和年度间的变化不一致。2018 年原州区、西吉县均出现自育型,分别为 3 株、2 株,占供试菌株的 15.79%、11.76%,其他县未发现自育型;2019 年西吉县、盐池县分别出现自育型 2 株和 1 株,占供试菌株的 6.67%、16.67%,其他县未出现自育型。2018 年全部地区都出现 A2 交配型,共 49 株,占供试菌株的 67.12%,A1 交配型 19 株,占供试菌株的 26.03%;2019 年除泾源县外其他县区都出现 A2 交配型,共 34 株,占供试菌株的 59.65%,A1 交配型 20 株,占供试菌株的 35.09%,不同交配型出现的比例都是 A2 大于 A1,不同县区 A2 交配型的大比例出现,说明宁夏马铃薯生理小种由简单到复杂。

2.2 马铃薯晚疫病菌生理小种鉴定结果

对 2018 年和 2019 年采自宁夏马铃薯主产区的 130 株马铃薯晚疫病菌进行了生理小种鉴定。初步鉴定出的生理小种类型有 8 种:3.7、3.10、3.4.10、3.4.6.8.10.11、1.2.3.4.5.6.7.8.9.10.11、1.2.3.4.5.6.7.8.10.11、1.2.3.5.6.7.8.11、2.3.4.5.6.7.8.9.10.11,发生频率分别为 3.08%、4.62%、10.77%、6.92%、44.62%、9.23%、12.31%、8.46%。盐池县仅出现 1.2.3.4.5.6.7.8.9.10.11 小种,彭阳县和海原县只发现 3 种生理小种,原州区

和西吉县 8 种类型的生理小种都有;“超级毒性”小种 1.2.3.4.5.6.7.8.9.10.11(58 株)在 2018 年和 2019 年各采集地都有发现,发生频率为 44.62%,是宁夏马铃薯主栽区的晚疫病优势小种,次优势小种为 3.4.10(14 株)和 1.2.3.5.6.7.8.11(16 株)(表 2)。

表 2 宁夏不同地区马铃薯晚疫病菌生理小种的组成

Table 2 Composition of physiological race in different areas of Ningxia

| 分布地区 Distribution | 小种类型 Physiological race | 株数/株 Number | 频率/% Frequency |
|-----------------------|----------------------------|----------------|-------------------|
| 原州区 Yuanzhou | 3.7 | 2 | 1.54 |
| | 3.10 | 2 | 1.54 |
| | 3.4.10 | 1 | 0.77 |
| | 3.4.6.8.10.11 | 2 | 1.54 |
| | 1.2.3.4.5.6.7.8.9.10.11 | 9 | 6.92 |
| 泾源县 Jingyuan | 1.2.3.4.5.6.7.8.10.11 | 3 | 2.31 |
| | 2.3.4.5.6.7.8.9.10.11 | 2 | 1.54 |
| | 1.2.3.5.6.7.8.11 | 1 | 0.77 |
| | 3.4.10 | 3 | 2.31 |
| | 3.4.6.8.10.11 | 1 | 0.77 |
| | 1.2.3.4.5.6.7.8.9.10.11 | 3 | 2.31 |
| | 1.2.3.4.5.6.7.8.10.11 | 1 | 0.77 |
| 2.3.4.5.6.7.8.9.10.11 | 1 | 0.77 | |
| 彭阳县 Pengyang | 1.2.3.5.6.7.8.11 | 1 | 0.77 |
| | 3.4.10 | 2 | 1.54 |
| | 3.4.6.8.10.11 | 3 | 2.31 |
| | 1.2.3.4.5.6.7.8.9.10.11 | 10 | 7.69 |

续表 2 Table 2(Continued)

| 分布地区 Distribution | 小种类型 Physiological race | 株数/株 Number | 频率/% Frequency |
|----------------------|-----------------------------------|----------------|-------------------|
| 隆德县 Longde | 3. 10 | 2 | 1.54 |
| | 3. 4. 10 | 1 | 0.77 |
| | 2. 3. 4. 5. 6. 7. 8. 9. 10. 11 | 1 | 0.77 |
| | 1. 2. 3. 4. 5. 6. 7. 8. 10. 11 | 2 | 1.54 |
| | 1. 2. 3. 4. 5. 6. 7. 8. 9. 10. 11 | 4 | 3.08 |
| | 1. 2. 3. 5. 6. 7. 8. 11 | 3 | 2.31 |
| 西吉县 Xiji | 3. 7 | 2 | 1.54 |
| | 3. 10 | 2 | 1.54 |
| | 3. 4. 10 | 5 | 3.85 |
| | 3. 4. 6. 8. 10. 11 | 2 | 1.54 |
| | 1. 2. 3. 4. 5. 6. 7. 8. 9. 10. 11 | 12 | 9.23 |
| | 1. 2. 3. 4. 5. 6. 7. 8. 10. 11 | 6 | 4.62 |
| | 2. 3. 4. 5. 6. 7. 8. 9. 10. 11 | 7 | 5.38 |
| | 1. 2. 3. 5. 6. 7. 8. 11 | 11 | 8.46 |
| 盐池县 Yanchi | 1. 2. 3. 4. 5. 6. 7. 8. 9. 10. 11 | 12 | 9.23 |
| 海原县 Haiyuan | 3. 4. 10 | 2 | 1.54 |
| | 3. 4. 6. 8. 10. 11 | 1 | 0.77 |
| | 1. 2. 3. 4. 5. 6. 7. 8. 9. 10. 11 | 8 | 6.15 |
| 合计 Total | 3. 7 | 4 | 3.08 |
| | 3. 10 | 6 | 4.62 |
| | 3. 4. 10 | 14 | 10.77 |
| | 3. 4. 6. 8. 10. 11 | 9 | 6.92 |
| | 1. 2. 3. 4. 5. 6. 7. 8. 10. 11 | 12 | 9.23 |
| | 1. 2. 3. 4. 5. 6. 7. 8. 9. 10. 11 | 58 | 44.62 |
| | 2. 3. 4. 5. 6. 7. 8. 9. 10. 11 | 11 | 8.46 |
| | 1. 2. 3. 5. 6. 7. 8. 11 | 16 | 12.31 |

本试验中共采用了含 11 个主效抗性单基因的鉴别寄主对采自宁夏的马铃薯晚疫病病菌进行了鉴定,发现宁夏分离物所含毒力因子复杂,在被测菌株中能克服全部 11 个抗病基因的菌株 58 株,占被测菌株的 44.62%。R1~R11 主效抗病基因被克服的频率均在 53% 以上(图 1),其中抗病基因 R3 能被 100% 的病菌克服,其次为 R10、R6、R8、R11、R4,被病菌克服的频

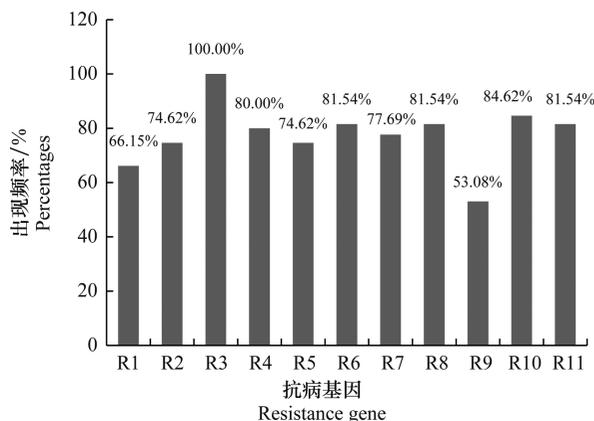


图 1 宁夏马铃薯晚疫病病菌毒性菌株出现频率

Fig. 1 Frequency of virulent strains of *Phytophthora infestans* in Ningxia

率为 84.62%、81.54%、81.54%、81.54%、80.00%,说明在宁夏马铃薯主栽区,含有以上 6 个抗病基因的品种已基本丧失了对马铃薯晚疫病的抗性,仅有 R1 和 R9 抗病基因被克服的比例在 70% 以下,因此,生产中迫切需要筛选新的抗源和加紧培育对马铃薯晚疫病抗性水平高的品种。

3 结论与讨论

由致病疫霉引起的马铃薯晚疫病是马铃薯的一种毁灭性病害,全世界普遍发生,危害严重,已列为世界粮食作物第一大病害^[34],利用抗病品种和化学防治是目前国内外控制马铃薯晚疫病的主要手段,然而近年来由于晚疫病病菌的变异速度加快,晚疫病病菌生理小种的组成越发复杂,且随着 A2 交配型和自育型在国内外的陆续发现,晚疫病的抗病育种和防治难度加大,已严重影响了马铃薯产业的发展。孙洁平^[28]对 2009 年采自固原市的 127 株晚疫病病菌进行交配型鉴定,其中在西吉县、泾源县、彭阳县、隆德县和原州区均发现 A1、A2 交配型;本试验对采自宁夏 7 个县(区)的 130 株马铃薯晚疫病病菌菌株进行测定,其中 A2 交配型 83 株,占所测菌株的 63.8%,A1 交配型 39 株,占所测菌株的 30%,这与孙洁平的研究结果较一致,不同的是本研究中泾源县未发现 A2 交配型,原因可能是泾源县马铃薯品种较单一,种植面积小,采集的菌株数量较少。因此,为更准确的弄清宁夏马铃薯晚疫病交配型的类型和分布情况,为生产中针对性的防治提供依据,需要扩大菌株的采集数量和范围,进行多点多年连续采集分析。

本研究在原州区、西吉县和盐池县还分离到了 8 株自育型菌株,说明宁夏马铃薯主产区晚疫病病菌可能会发生有性生殖,使得马铃薯晚疫病病菌的遗传多样性更加复杂化。这一结论与赵志坚等^[9]的研究结果基本一致,他们认为自育型菌株自身就可以进行有性生殖,增加了晚疫病病菌遗传变异的途径,使毒性基因的重组几率增大,丰富了群体的毒力多样性,从而产生更具有侵染力的生理小种以及致病力更强的菌株,使得晚疫病发生、流行的风险加重。Smart 等^[35]报道自育型菌株的发生可能与遗传和环境等因素有关,因此马铃薯晚疫病病菌 A2 交配型和自育型菌株对马铃薯的危害、品种抗病性间的关系及交配性的特征需进一步研究,生产中为防止马铃薯晚疫病大发生,农业主管部门需要建立严格的种薯检疫措施,防止 A2 和自育交配型菌株传入未发生该交配型的马铃薯种植区。

马铃薯晚疫病菌生理小种毒力基因的组成经历了一个从简单到复杂的发展变化过程^[36]。我国有关马铃薯晚疫病菌生理小种的研究始于 20 世纪 60 年代。黄河等^[37]于 1962 年—1967 年在黑龙江、张家口、内蒙古、山西、甘肃、青海等地收集 193 株晚疫病菌并鉴定出 7 个生理小种;郭军等^[32]于 1997 年—1999 年和 2002 年—2003 年从内蒙古马铃薯主栽区的 38 个马铃薯晚疫病菌株中发现 18 个生理小种,其中小种 3a. 3b. 4. 6. 7. 10, 1. 2. 3a. 3b. 4. 5. 6. 7. 8. 9. 10. 11 和 3a. 3b. 4. 7. 10 发生频率较高,分别占被测菌株的 10.53%, 13.16% 和 21.05%;杨胜先等^[38]2013 年—2014 年从贵州采集了 260 个马铃薯晚疫病菌菌株,从中共鉴定获得 31 个生理小种,其中 2. 5. 6. 8. 9. 11 号小种出现频率最高,为 26.5%;田荟遥等^[39]2016 年对采自东北三省(辽宁、吉林、黑龙江)的 70 株马铃薯晚疫病菌进行生理小种鉴定,其中“超级小种”1. 2. 3. 4. 5. 6. 7. 8. 9. 10. 11 出现频率最高,占被测菌株的 27.1%,并且在东北三省均有分布;从以上研究可以看出,各地晚疫病生理小种类型都趋于复杂化。本研究采集宁夏不同地区马铃薯晚疫病菌进行生理小种鉴定,共鉴定出 8 个生理小种,其中可克服所有已知的 R1~R11 等 11 个抗病基因的“超级小种”1. 2. 3. 4. 5. 6. 7. 8. 9. 10. 11 出现频率高达 44.62%,且在各采集地均有分布,是宁夏的优势生理小种。比较本试验结果与孙洁平^[28]和刘浩等^[29]鉴定的生理小种组成发现,目前宁夏马铃薯晚疫病菌小种数量增多,种类日趋复杂,而且供试的全部 11 个抗病基因均能被克服。孙洁平^[28]2009 年在固原地区采集的马铃薯晚疫病菌中发现 5 个类型生理小种,没有出现“超级小种”1. 2. 3. 4. 5. 6. 7. 8. 9. 10. 11,进一步说明近年来宁夏马铃薯晚疫病菌的侵染能力逐步增强,原因可能是随着宁夏马铃薯产业的发展,特别是种薯繁育的面积不断扩大,不同省份间种薯日益频繁的调运使晚疫病菌的变异进一步加快,使得大面积出现马铃薯晚疫病菌的 A2 交配型和自育型菌株,从而导致病菌变异加快,产生新的生理小种,致病性和侵染能力都增强,给马铃薯晚疫病的防治带来更多困难。

综上所述,宁夏各采集地区马铃薯晚疫病菌生理小种数目增多,且小种组成日趋复杂化。因此,需实时监测马铃薯晚疫病菌交配型的分布范围及生理小种的变化情况,对跨省跨区域的种子调运进行严格的检查,并且育种工作者需不断挖掘新的马铃薯晚疫病抗源及培育抗性水平高的品种,从根本上防

治马铃薯晚疫病的发生,对宁夏马铃薯产业化健康发展具有重要的意义。

参考文献

- [1] 王腾, 马爽, 孙继英, 等. 中国马铃薯晚疫病菌生理小种研究进展[J]. 中国马铃薯, 2017, 31(1): 45-53.
- [2] 刘波微, 彭化贤, 席亚东, 等. 四川马铃薯晚疫病生理小种鉴定及品种抗病性[J]. 西南农业学报, 2010, 23(3): 747-751.
- [3] 闵凡祥, 王晓丹, 胡林双, 等. 黑龙江省马铃薯晚疫病菌交配型的研究[J]. 中国马铃薯, 2010, 24(1): 47-49.
- [4] HOHL H R, ISELIN K S. Strains of *Phytophthora infestans* from Switzerland with A2 mating type behavior [J]. Transactions of the British Mycological Society, 1984, 83(3): 529-530.
- [5] AAV A, SKRABULE I, BIMŠTEINE G, et al. The structure of mating type, metalaxyl resistance and virulence of *Phytophthora infestans* isolates collected from Latvia [J]. Zemdirbyste-Agriculture, 2015, 102(3): 335-342.
- [6] CHMIELARZ M, SOBKOWIAK S, DEBSKI K, et al. Diversity of *Phytophthora infestans* from Poland [J]. Plant Pathology, 2014, 63(1): 203-211.
- [7] KIIKER R, HANSEN M, WILLIAMS I H, et al. Outcome of sexual reproduction in the *Phytophthora infestans* population in Estonian potato fields [J]. European Journal of Plant Pathology, 2018, 152(2): 395-407.
- [8] 张志铭, 李玉琴, 田世民, 等. 中国马铃薯晚疫病菌 (*Phytophthora infestans*) A2 交配型[J]. 河北农业大学学报, 1996, 19(4): 65-69.
- [9] 赵志坚, 王淑芬, 李成云, 等. 云南省马铃薯晚疫病菌交配型分布及发生频率[J]. 西南农业学报, 2001, 12(3): 1-3.
- [10] 朱杰华, 张志铭, 李玉琴. 马铃薯晚疫病菌 (*Phytophthora infestans*) A2 交配型的分布[J]. 植物病理学报, 2000, 30(4): 375.
- [11] 赵青, 郑峥, 李颖, 等. 四川省马铃薯晚疫病菌群体表型和遗传变异的分析[J]. 菌物学报, 2016, 35(1): 52-62.
- [12] 张铨哲, 韩晓旭, 郭衍锦, 等. 黑龙江省马铃薯晚疫病菌的交配型和 multi-locus 基因型分析[J]. 中国蔬菜, 2018(4): 58-64.
- [13] 祝菊澧, 梁静思, 王伟伟, 等. 马铃薯致病疫霉研究进展[J]. 微生物学通报, 2020, 47(3): 952-966.
- [14] 王立, 惠娜娜, 李建军, 等. 甘肃省马铃薯主产区晚疫病菌生理小种组成与分布[J]. 中国蔬菜, 2013(22): 70-74.
- [15] 朱杰华, 杨志辉, 张凤国, 等. 马铃薯晚疫病菌群体遗传结构研究进展[J]. 中国农业科学, 2007, 40(9): 1936-1942.
- [16] 王腾, 马爽, 孙继英, 等. 中国马铃薯晚疫病菌生理小种研究进展[J]. 中国马铃薯, 2017, 31(1): 45-53.
- [17] GURTLER H. Physiological races of *Phytophthora infestans* in Denmark and low temperature storage of isolates [J]. Potato Research, 1984, 27(1): 25-31.
- [18] CORBIERE R, REKAD F Z, GALFOUT A, et al. Phenotypic and genotypic characteristics of Algerian isolates of *Phytophthora infestans* [C]. Twelfth EuroBlight workshop Arras (France), 2010.
- [19] 张明厚, 刘淑静, 吕文清. 马铃薯品种各生育期对于晚疫病菌

- 小种抵抗性的比较[J]. 植物病理学报, 1965, 8(1): 17-22.
- [20] 朱小琼, 车兴壁, 国立耘, 等. 六省市晚疫病病菌交配型及其对几种杀菌剂的敏感性[J]. 植物保护, 2004, 30(4): 20-23.
- [21] 陈庆河, 翁启勇, 谢世勇, 等. 福建省晚疫病病菌交配型分布及对甲霜灵的抗药性[J]. 植物保护学报, 2004, 31(2): 151-156.
- [22] 金光辉, 白雅梅, 孙秀梅, 等. 黑龙江省马铃薯晚疫病病菌 A2 交配型的测定[J]. 中国马铃薯, 2006, 20(4): 212-214.
- [23] 王英华, 国立耘, 梁德霖, 等. 马铃薯晚疫病病菌在内蒙古和甘肃的交配型分布及对几种杀菌剂的敏感性[J]. 中国农业大学学报, 2003, 8(1): 78-82.
- [24] 孙银银. 西北部分地区晚疫病病菌的交配型分布和遗传多样性初步分析[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2010.
- [25] 马丽杰. 马铃薯种质资源圃晚疫病病菌的遗传多样性研究及种薯处理防控田间晚疫病试验[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2011.
- [26] 张芳. 宁夏南部致病疫霉菌的群体遗传多样性分析[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2011.
- [27] 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.
- [28] 孙洁平. 西北地区马铃薯主产区晚疫病病菌毒性分析[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2012.
- [29] 刘浩, 李若泰, 张宗山, 等. 宁夏西吉县马铃薯晚疫病生理小种研究初探[J]. 安徽农业科学, 2011, 39(10): 5819-5820.
- [30] 郭志乾, 张国辉, 王效瑜, 等. 2015 年宁夏马铃薯产业发展现状、存在问题及建议[C]. 哈尔滨: 哈尔滨地图出版社, 2016.
- [31] GHIMIRE S R, HYDE K D, HODGKISS I J, et al. Phenotypes of *Phytophthora infestans* in Nepal: mating types and metalaxyl sensitivity [J]. Potato Research, 2001, 44: 337-347.
- [32] 郭军, 屈冬玉, 巩秀峰, 等. 内蒙古马铃薯晚疫病病菌交配型和生理小种研究[J]. 西北农林科技大学学报(自然科学版), 2007, 35(11): 120-124.
- [33] BLACK W, MASTENBROCK C, MILLS W R. A proposal for an international nomenclature of races *Phytophthora infestans* and of genes controlling immunity in *Solanum demissum* derivatives [J]. Phytopathology, 1953, 2(3): 173-179.
- [34] ERWIN D C, RIBEIRO O K. Phytophthora disease worldwide [M]. Saint Paul, MN: APS Press, 1996.
- [35] SMART C D, MAYTON H, MIZUBUTI E S G et al. Environmental and genetic factors influencing self-fertility in *Phytophthora infestans* [J]. Phytopathology, 2000, 90: 987-994.
- [36] 杨胜先, 龙国, 张绍荣, 等. 马铃薯晚疫病病菌生理小种研究进展[J]. 江苏农业科学, 2015, 43(9): 9-13.
- [37] 黄河, 程汉清, 徐天宇. 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.
- [38] 杨胜先, 张绍荣, 龙国, 等. 贵州省马铃薯晚疫病病菌生理小种的组成与分布[J]. 南方农业学报, 2015, 46(4): 597-601.
- [39] 田荟遥, 蒋继志, 侯宁, 等. 马铃薯晚疫病病菌生理小种鉴别寄主的组培条件优化及部分生理小种的鉴定[J]. 河北农业大学学报, 2017, 40(5): 78-83.

(责任编辑: 田 喆)

(上接 226 页)

- [11] 杨普云, 朱晓明, 郭井菲, 等. 我国草地贪夜蛾的防控对策与建议[J]. 植物保护, 2019, 45(4): 1-6.
- [12] 吴孔明. 中国草地贪夜蛾的防控策略[J]. 植物保护, 2020, 46(2): 1-5.
- [13] LIMA M S, SILVA P S L, OLIVEIRA O F, et al. Corn yield response to weed and fall armyworm controls [J]. Planta Daninha, 2010, 28(1): 103-111.
- [14] MURÚA G, MOLINA-OCHOA J, COVIELLA C. Population dynamics of the fall armyworm, *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae) and its parasitoids in Northwestern Argentina [J]. Florida Entomologist, 2006, 89(2): 175-182.
- [15] RWOMUSHANA I, BATEMAN M, BEALE T, et al. Fall armyworm: impacts and implications for Africa. Evidence Note Update [R]. Wallingford: CABI, 2018.
- [16] 张磊, 靳明辉, 张丹丹, 等. 入侵云南草地贪夜蛾的分子鉴定[J]. 植物保护, 2019, 45(2): 19-24.
- [17] 姜玉英, 刘杰, 朱晓明. 草地贪夜蛾侵入我国的发生动态和未来趋势分析[J]. 中国植保导刊, 2019, 39(2): 33-35.
- [18] 太红坤, 郭井菲, 杨世常, 等. 草地贪夜蛾在云南德宏州甘蔗上的生物学习性及为害状观察[J]. 植物保护, 2019, 45(6): 75-79.
- [19] 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.
- [20] 农业农村部就草地贪夜蛾防控工作举行新闻发布会[EB/OL]. (2019-09-17) [2020-09-16]. http://www.moa.gov.cn/hd/zbft_news/cdtyefk/.
- [21] 中华人民共和国农业农村部公告第 333 号[EB/OL]. (2020-09-15) [2020-09-16]. http://www.moa.gov.cn/gov-public/ZZYGLS/202009/t20200917_6352227.htm.
- [22] 喜超, 姜玉英, 木霖, 等. 草地贪夜蛾在云南的潜在适生区分析及经济损失预测[J]. 南方农业学报, 2019, 50(6): 1226-1233.
- [23] 秦誉嘉, 杨冬才, 康德琳, 等. 草地贪夜蛾对我国玉米产业的潜在经济损失评估[J]. 植物保护, 2020, 46(1): 69-73.
- [24] 国家统计局. 主要农作物播种面积分省年度数据(云南省)[EB/OL]. [2020-09-16]. <https://data.stats.gov.cn/easyquery.htm?cn=E0103>.
- [25] 太红坤, 郭井菲, 张峰, 等. 草地贪夜蛾在云南冬季甜玉米上的生物学习性及为害状观察[J]. 植物保护, 2019, 45(5): 91-95.
- [26] 饶玉燕, 尤扬, 朱水芳, 等. 玉米褪绿斑驳病毒入侵损失指标体系及直接经济损失评估[J]. 植物检疫, 2010, 24(2): 5-8.
- [27] 方焱, 李志红, 秦萌, 等. 南亚果实蝇对我国南瓜产业的潜在经济损失评估[J]. 植物检疫, 2015, 29(3): 28-33.
- [28] 赵雪晴, 曲天尧, 李亚红, 等. 2019 年云南省草地贪夜蛾春夏季发生特征[J]. 植物保护, 2019, 45(5): 84-90.
- [29] TAMBO J A, DAY R K, LAMONTAGNE-GODWIN J, et al. Tackling fall armyworm (*Spodoptera frugiperda*) outbreak in Africa: an analysis of farmers' control actions [J]. International Journal of Pest Management, 2020, 66(4): 298-310.
- [30] 中国政府网. 云南省全面防控阻截草地贪夜蛾[EB/OL]. (2020-04-30) [2020-08-31]. http://www.gov.cn/xinwen/2020-04/30/content_5507615.htm

(责任编辑: 田 喆)