年际间干旱对晚疫病菌生理小种复杂性的影响

金光辉[1,2,3*]， 李学湛[4]， 王玉成[5]， 王 腾[6]

（1. 东北林业大学博士后科研流动站，哈尔滨 150040；2. 黑龙江省农业科学院博士后科研工作站，哈尔滨 150086；3. 黑龙江八一农垦大学农学院，大庆 163319；4. 黑龙江省农业科学院植物脱毒苗木研究所，哈尔滨 150086；5. 东北林业大学，哈尔滨 150040；6. 黑龙江省农业科学院克山分院，齐齐哈尔 161005）

摘要 由致病疫霉 *Phytophthora infestans* 引起的晚疫病是马铃薯生产中最具毁灭性的病害，生理小种是晚疫病菌最重要的生物学特性之一，其组成直接关系到晚疫病的发生与流行。本研究以 2007 年黑龙江省干旱为契机，对 2004－2010 年采自黑龙江省的晚疫病菌菌株进行生理小种鉴定，结果表明，382 个晚疫病菌菌株中共鉴定出 91 个生理小种类型，2004－2006 年的优势小种为 3.4.6.7.8.9.10.11，2007－2009 年的优势小种为 3.4.7.11，2010 年的优势小种为 1.3.4.7.8.10.11。2007 年生理小种的复杂程度为历年最低，并影响了 2008 年与 2009 年的生理小种组成，2010 年的生理小种复杂程度则出现明显上升。

关键词 致病疫霉； 干旱； 生理小种； 复杂性

中图分类号： S 435.32 **文献标识码：** A **DOI：** 10.3969/j.issn.0529－1542.2017.04.030

Effects of inter-annual drought on the complexity of physiological races of *Phytophthora infestans*

Jin Guanghui[1,2,3]， Li Xuezhan[4]， Wang Yucheng[5]， Wang Teng[6]

（1. *Post-doctoral Research Station of Northeast Forestry University*，*Harbin* 150040，*China*；2. *Post-doctoral Programme of Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences*，*Harbin* 150086，*China*；3. *Agronomy College of Heilongjiang Bayi Agricultural University*，*Daqing* 163319，*China*；4. *Institute of Plant Seedling Nursery Stock*，*Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences*，*Harbin* 150086，*China*；5. *Northeast Forestry University*，*Harbin* 150040，*China*；6. *Keshan Branch of Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences*，*Qiqihar* 161005，*China*）

Abstract Late blight caused by *Phytophthora infestans* is the most devastating disease in potato production. Physiological race is one of the most important biological characteristics of *P. infestans*. Its composition is directly related to late blight occurrence and popularity. With drought in Heilongjiang Province in 2007 as a turning point, physiological races of *P. infestans* isolates collected from Heilongjiang Province during 2004 to 2010 were identified in this study. The results showed that 91 physiological races were identified from 382 isolates. The dominant race in 2004－2006 was 3.4.6.7.8.9.10.11, and that in 2007－2009 and 2010 was 3.4.7.11 and 1.3.4.7.8.10.11, respectively. The complexity of physiological races in 2007 was the lowest during these years, which also affected the physiological races in the 2008 and 2009. The complexity of the physiological race in 2010 is significantly increased.

Key words *Phytophthora infestans*； drought； physiological race； complexity

马铃薯晚疫病(late blight)是由致病疫霉 *Phytophthora infestans* 引起的马铃薯生产中最具毁灭性的病害，目前在我国各地均有发生[1]，尤其在中部和北部发生较普遍。在我国因晚疫病引起的产量损失每年平均达到 10 亿美元左右[2]。生理小种也被称为致病型，是晚疫病菌重要的表现型之一，其组成与变异会直接关系到马铃薯晚疫病的发生与流行[3-4]。自 20 世纪 80 年代以来，我国晚疫病菌的生理小种组成已发生变化，由相对简单的小种演变为复杂的小种类型。随着晚疫病菌 A2 交配型的发现，生理小种的复杂化进程明显加快。“超级毒力小种”(含有已知 11 个毒力基因的小种)的出现也日益频繁。自 2007 年

收稿日期： 2016－10－12 **修订日期：** 2016－11－15
* 通信作者 E-mail：ghjin1122@163.com

赵志坚等[5]报道在云南发现1株“超级毒力小种”以来，在四川[6-7]、河北和黑龙江[8]、湖北[9]、甘肃[10]等地也相继发现“超级毒力小种”，其出现频率也在逐步升高，有些年份甚至发展成为优势小种。

一般认为，空气湿度对晚疫病的发病具有重要影响，干旱会降低马铃薯晚疫病的发病率，但干旱对晚疫病菌生理小种结构的影响尚不明确。本研究以2007年黑龙江省遭遇全省干旱为契机，对2007年前后黑龙江省晚疫病菌的生理小种进行鉴定，以明确干旱对晚疫病生理小种变化的影响，为今后晚疫病菌生理小种的研究提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

1.1.1 鉴别寄主

晚疫病菌生理小种鉴别寄主共12份，包括1个不含抗病基因的感病品种(r)和11个分别含有R1～R11主效基因的抗病品种，均由国际马铃薯中心提供，且均为试管苗。鉴定前栽植于温室中，当叶片直径长至1 cm大小时即可用于试验。

1.1.2 供试菌株

供试菌株为2004－2010年分离、纯化后保存于实验室的晚疫病菌菌株，鉴定前用感晚疫病的马铃薯品种薯块进行活化和复壮。将薯块进行表面消毒后切成厚度约30 mm的薯片，放入培养皿中，再将供试菌株接种到薯片上，然后放入人工气候箱中18℃条件下黑暗保湿培养7～10 d，待薯片上长满菌丝和孢子囊即可用于试验。各年菌株的采集地点见表1。

表1 2004－2010年马铃薯晚疫病菌采集信息

Table 1 Collection information of *Phytophthora infestans* from 2004 to 2010

年份 Year	采集地点 Site
2004	加格达奇、龙门农场、讷河、克山、海伦、哈尔滨
2005	克山、海伦、绥化、哈尔滨、鹤岗
2006	加格达奇、黑河、讷河、克山、海伦、青冈、绥化、哈尔滨
2007	本年度全省干旱，仅大田收获后在海伦市的网棚中发现晚疫病，大田没有晚疫病发生
2008	加格达奇、海伦、哈尔滨、牡丹江
2009	克山、讷河、海伦、嫩江、呼玛、龙镇
2010	塔河、漠河、克山、呼兰

1.2 生理小种的鉴定

1.2.1 孢子悬浮液的制备

将预先培养好的待测菌株的菌丝用接种针刮下，放入装有适量无菌水的1.5 mL的EP管中，在4℃条件下处理1～2 h释放出游动孢子，利用钢丝网过滤掉菌丝及孢子囊壳，即为孢子悬浮液，将游动孢子浓度稀释至2×10^4个/mL，备用。

1.2.2 生理小种鉴定

把鉴别寄主的小叶取下，放在铺有湿润滤纸的培养皿($d=9$ cm)中，每个培养皿中放置一种鉴别寄主，每种鉴别寄主3片小叶。接种时用移液枪吸取10 μL孢子悬浮液滴于鉴别寄主叶片主叶脉两侧，每个菌株设置3次重复。

接种后置于光照培养箱内18℃培养，5～7 d后检查叶片发病情况及孢子囊产生情况，确定是否致病，叶片发病并产生孢子囊，鉴别寄主为感病，只有坏死斑点无孢子囊产生或无任何症状，鉴别寄主为抗病，然后根据基因对基因学说确定生理小种类型。

1.3 生理小种复杂性及生理小种毒力基因复杂性

马铃薯晚疫病菌生理小种的复杂程度采用Gleason多样性指数(H_G)及Shannon指数(H_S)来分析[11]，$H_G=(N_p-1)/\ln(N_i)$；$H_S=-\sum_j P_j\ln(P_j)$；其中N_p代表群体中分离并鉴定出的生理小种个数，N_i代表群体中分离出的菌株数；P_j代表第j个生理小种的分离频率。

毒力基因的复杂性应用C_i和C_p两个指数来评价[12]。$C_i=\sum_j(P_jV_j)$，$j=1\cdots N_p$；$C_p=\sum_j V_j/N_p$，$j=1\cdots N_p$；C_i表示群体中单个菌株所含毒力基因数量的平均值，C_p表示群体中单个小种所含毒力基因数量的平均值。P_j代表群体中第j个小种的分离频率，V_j代表第j个生理小种的毒力基因数目，N_p代表群体中分离并鉴定出的生理小种个数。

2 结果与分析

2.1 2004－2010年黑龙江省马铃薯晚疫病菌生理小种类型的鉴定

从2004－2010年采集纯化的382株晚疫病菌菌株中共鉴定出91个生理小种类型(表2)。2004年优势小种为3.4.6.7.8.9.10.11，发生频率为11.76%，次优势小种为1.3.4.6.7.8.9.11，发生频率为9.8%；2005年优势小种为3.4.6.7.8.10.11，发生频率为20%，次优势小种为3.4.6.7.8.10，发生频率为15%；2006年优势小种为3.4.6.7.8.9.10.11，发生频率为19.35%，次优势小种为3.4.6.7.8.10.11，发生频率为14.52%；2007年优势小种为3.

4.7.11,发生频率为 36.36%,次优势小种为 3.7.11,发生频率为 27.27%;2008 年优势种为 3.4.7.11,发生频率为 33.73%,次优势小种为 3.4.6.7.8.10.11,发生频率为 12.05%;2009 年优势小种为 2.3.4.7.11,发生频率为 17.65%,次优势小种为 2.3.7,发生频率为 11.76%;2010 年优势小种为 1.3.4.7.8.10.11,发生频率为 27.38%,次优势小种为 1.3.4.7.10.11,发生频率为 9.52%。从各年生理小种组成及优势小种来看,2004—2006 年生理小种组成相近,2007—2009 年生理小种组成相近。若将 2004—2010 年分为 2004—2006 年、2007—2009 年、2010 年 3 个部分,则 2004—2006 年的 153 株晚疫病菌株中鉴定出 43 个生理小种类型,优势小种为 3.4.6.7.8.9.10.11,次优势小种为 3.4.6.7.8.10.11;2007—2009 年的 145 株晚疫病菌株中鉴定出 37 个生理小种类型,优势小种为 3.4.7.11;2010 年的 84 个晚疫病菌株中鉴定出 25 个生理小种类型,优势小种为 1.3.4.7.8.10.11。

表 2　2004—2010 年黑龙江省马铃薯晚疫病菌生理小种类型及数量

Table 2　Type and quantity of physiological races of *Phytophthora infestans* from Heilongjiang Province from 2004 to 2010

生理小种类型 Physiological race	毒力基因数 No. of virulence gene	各年份菌株数 No. of strains in each year							合计 Total
		2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	
3.4.7.11	4	3	4	3	4	28	5	0	47
3.4.6.7.8.10.11	7	2	8	9	0	10	1	0	30
3.4.6.7.8.9.10.11	8	6	5	12	0	5	0	0	28
1.3.4.7.8.10.11	7	0	0	0	0	0	0	23	23
0	0	2	0	0	0	9	2	0	13
3.7.11	3	0	1	0	3	4	3	0	11
3.4.7.10.11	5	4	0	5	0	1	0	1	11
2.3.4.7.11	5	0	0	0	0	0	9	0	9
1.3.4.7.10.11	6	0	0	0	0	0	0	8	8
1.3.4.6.7.8.10.11	8	1	0	2	0	0	0	5	8
1.3.4.7.8	5	0	0	0	0	0	0	7	7
3.4.6.7.11	5	0	0	0	0	7	0	0	7
3.4.6.7.8.9.10	7	0	4	3	0	0	0	0	7
1.3.4.5.7.8.10.11	8	0	0	0	0	0	0	7	7
1.3.4.6.7.8.9.11	8	5	0	2	0	0	0	0	7
2.3.7	3	0	0	0	0	0	6	0	6
3.4.7	3	2	0	0	0	3	0	1	6
1.3.4.7	4	0	0	0	0	0	0	6	6
3.4.6.7.8.10	6	0	6	0	0	0	0	0	6
3.4.6.7.8.11	6	4	0	1	0	1	0	0	6
1.3.4.7.11	5	0	0	0	0	0	0	5	5
3.4.6.8.10	5	0	2	3	0	0	0	0	5
3.4.6.7.8.9.11	7	1	0	4	0	0	0	0	5
4.6.7.8.9.10.11	7	1	0	4	0	0	0	0	5
3.7	2	0	0	0	0	1	3	0	4
2.3.7.11	4	0	0	0	0	0	4	0	4
3.4.7.10	4	3	0	0	0	0	0	1	4
4.6.8.9.10.11	6	1	0	3	0	0	0	0	4
3	1	0	0	0	0	3	0	0	3
7	1	0	0	0	0	0	3	0	3
3.4.11	3	0	0	0	0	3	0	0	3
4.7.11	3	1	0	0	2	0	0	0	3
4.6.9.11	4	2	0	1	0	0	0	0	3
3.4.5.6.7.8.11	7	2	0	1	0	0	0	0	3
2.3.4.6.7.8.10.11	8	0	0	0	0	0	3	0	3
1.3.4.6.7.8.9.10.11	9	1	0	2	0	0	0	0	3
3.4	2	0	0	0	1	1	0	0	2
3.4.7.8.11	5	2	0	0	0	0	0	0	2
1.3.4.7.8.11	6	0	0	0	0	0	0	2	2
3.4.7.8.10.11	6	0	1	1	0	0	0	0	2
3.6.7.8.10.11	6	0	0	0	0	2	0	0	2
2.3.4.6.7.8.11	7	1	0	1	0	0	0	0	2

续表 2 Table 2(Continued)

生理小种类型 Physiological race	毒力基因数 No. of virulence gene	各年份菌株数 No. of strains in each year							合计 Total
		2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	
1.2.3.4.7.8.10.11	8	0	0	0	0	0	0	2	2
1.4.6.7.8.9.10.11	8	0	0	2	0	0	0	0	2
2.3.4.6.7.8.9.10	8	0	1	1	0	0	0	0	2
1.2.3.4.6.7.8.10.11	9	0	0	0	0	0	0	2	2
1.3.4.5.6.7.8.10.11	9	0	0	0	0	0	0	2	2
3.4.5.6.7.8.9.10.11	9	0	0	0	0	2	0	0	2
1.2.3.4.5.6.7.8.10.11	10	0	0	0	0	0	0	2	2
1.3.4.5.6.7.8.9.10.11	10	0	0	1	0	0	0	1	2
10	1	0	0	0	0	0	0	1	1
11	1	0	0	0	0	0	1	0	1
1.7	2	1	0	0	0	0	0	0	1
2.7	2	0	0	0	0	0	1	0	1
4.11	2	0	0	0	1	0	0	0	1
7.11	2	0	0	0	0	0	1	0	1
3.6.8	3	0	1	0	0	0	0	0	1
2.3.11	3	0	0	0	0	0	1	0	1
2.3.4	3	0	0	0	0	0	1	0	1
3.4.6	3	0	0	0	0	0	1	0	1
2.3.4.11	4	0	0	0	0	0	1	0	1
3.4.7.8	4	0	1	0	0	0	0	0	1
3.8.10.11	4	0	1	0	0	0	0	0	1
4.6.8.11	4	1	0	0	0	0	0	0	1
6.7.10.11	4	1	0	0	0	0	0	0	1
3.4.5.6.7	5	0	1	0	0	0	0	0	1
3.4.6.10.11	5	0	0	0	0	1	0	0	1
3.4.6.7.8	5	0	0	0	0	1	0	0	1
3.6.7.8.10	5	0	0	0	0	0	1	0	1
3.6.7.8.11	5	0	0	0	0	1	0	0	1
1.3.4.5.7.8	6	0	1	0	0	0	0	0	1
1.3.4.7.8.10	6	0	0	0	0	0	0	1	1
2.3.4.7.8.11	6	0	0	0	0	0	1	0	1
3.4.6.7.10.11	6	0	0	0	0	0	0	1	1
3.4.6.8.9.10	6	0	1	0	0	0	0	0	1
3.4.7.8.9.11	6	1	0	0	0	0	0	0	1
1.3.4.6.7.10.11	7	0	0	0	0	0	0	1	1
2.3.6.7.8.10.11	7	0	0	0	0	0	1	0	1
3.4.5.6.7.10.11	7	0	0	0	0	0	0	1	1
1.2.3.4.5.7.10.11	8	0	0	0	0	0	0	1	1
1.3.4.5.6.7.10.11	8	0	0	0	0	0	0	1	1
1.3.4.6.7.9.10.11	8	0	0	0	0	0	0	1	1
2.3.4.5.6.7.8.10	8	0	1	0	0	0	0	0	1
2.3.4.6.7.8.9.11	8	1	0	0	0	0	0	0	1
2.3.6.7.8.9.10.11	8	0	0	0	0	0	1	0	1
3.4.5.6.7.8.10.11	8	0	0	0	0	0	1	0	1
3.4.5.6.7.8.9.11	8	1	0	0	0	0	0	0	1
1.2.4.6.7.8.9.10.11	9	0	1	0	0	0	0	0	1
1.3.4.5.6.7.8.9.11	9	1	0	0	0	0	0	0	1
2.3.4.6.7.8.9.10.11	9	0	0	1	0	0	0	0	1
1.2.3.4.5.7.8.9.10.11	10	0	0	0	0	0	0	1	1
小种数	—	26	17	21	5	18	22	25	91
菌株数合计	—	51	40	62	11	83	51	84	382

2.2　2004－2010 年马铃薯晚疫病菌生理小种毒力基因动态变化

由各年际间生理小种毒力基因的变化看，不同年份间同一毒力基因出现频率存在差异（表 3）。毒力基因 R3、R4、R7、R11 在各年间均表现较高频率，但 R4 在 2009 年出现一次明显的频率降低；毒力基因 R2、R5 在各年间均表现为低频率，但 R2 在 2009 年出现一次频率的上升，而 R5 在 2009 年后频率出现缓慢上升趋势；毒力基因 R1 在 2004－2009 年表现低频率，但在 2010 年频率突然升高；毒力基因 R6 在 2004－2006 年一直维持较高频率，2007 年频率降低，并维持低频率至 2010 年；毒力基因 R8 在 2004－2006 年是高频率，2007 年频率骤降，2008 与 2009 年仍维持低频率，2010 年频率升高；毒力基因 R9 在 2005 年频率升高，2007 年又降至低频率，并维持至 2010 年；毒力基因 R10 频率在 2005 年升高，2007－2009 年又降至低频率，2010 年又升至高频率。总体来说，毒力基因 R3、R4、R7、R11 的频率在各年表现较平稳，其他毒力基因均出现较大幅度的起伏，并以 2007 年为一个节点，在本年度毒力基因的频率几乎都出现下降趋势。

表 3　2004－2010 年黑龙江省马铃薯晚疫病菌生理小种毒力基因出现频率

Table 3　Frequency of virulence gene of *Phytophthora infestans* from Heilongjiang Province from 2004 to 2010

毒力基因 Virulence gene	各年毒力基因出现频率/% Frequency of virulence gene in each year						
	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010
R1	17.65	5.00	14.52	0.00	0.00	0.00	92.86
R2	3.92	7.50	4.84	0.00	0.00	56.86	9.52
R3	78.43	95.00	83.87	72.73	91.38	84.31	98.81
R4	92.16	92.50	100.00	72.73	79.31	43.14	98.81
R5	7.84	5.00	3.23	0.00	1.72	1.96	19.05
R6	62.75	77.50	85.48	0.00	31.03	17.65	20.24
R7	88.24	87.50	88.71	81.82	81.03	86.27	98.81
R8	60.78	85.00	85.48	0.00	17.24	17.65	65.48
R9	41.18	30.00	56.45	0.00	5.17	1.96	3.57
R10	39.22	77.50	79.03	0.00	20.69	15.69	73.81
R11	82.35	52.50	88.71	90.91	79.31	64.71	79.76
菌株数 Number of strains	51	40	62	11	58	51	84

2.3　2004－2010 年马铃薯晚疫病菌生理小种及生理小种毒力基因复杂性变化

由晚疫病菌生理小种的复杂性看（表 4），2007 年复杂程度最低为（H_G＝1.67，H_S＝1.47）。由晚疫病菌生理小种毒力基因复杂性看，2004－2006 年复杂程度一直缓慢上升，2007 年毒力基因复杂程度降至最低（C_i＝3.18，C_p＝2.8），并影响了 2008－2009 年生理小种毒力基因的复杂程度，使 2008－2009 年生理小种毒力基因的复杂程度一直较低，直到 2010 年出现明显上升并恢复到 2007 年干旱前水平。总体来说，2007 年晚疫病菌生理小种及生理小种毒力基因复杂性均较之前降低，2008－2009 年受 2007 年干旱影响毒力基因复杂程度较低，2010 年生理小种毒力基因复杂程度出现升高趋势。

表 4　2004－2010 年黑龙江省马铃薯晚疫病菌生理小种及生理小种毒力基因复杂性指数[1)]

Table 4　Physiological races and virulence gene complexity of *Phytophthora infestans* from Heilongjiang Province from 2004 to 2010

年份 Year	菌株数（N_i） No. of strains	小种数（N_p） No. of races	H_G	H_{GR}	H_S	H_{SR}	C_i	C_p
2004	51	26	6.35	1.62	3.05	0.78	5.80	5.52
2005	40	17	4.34	1.18	2.49	0.68	6.20	5.82
2006	62	21	4.85	1.17	2.72	0.66	6.92	6.95
2007	11	5	1.67	0.70	1.47	0.61	3.18	2.80
2008	83	18	3.85	0.87	2.30	0.52	4.22	4.39
2009	51	22	5.60	1.42	2.78	0.71	3.92	4.04
2010	84	25	5.64	1.27	2.65	0.60	6.71	6.77

1）H_{GR}＝相对格里森指数，H_{SR}＝相对 Shannon 指数。
H_{GR}＝ Relative index for H_G，H_{SR}＝ Relative index for H_S.

3 讨论

关于黑龙江省马铃薯晚疫病菌生理小种的类型研究，金光辉等[13]2003 年从黑龙江省采集的晚疫病菌菌株中鉴别出 14 个生理小种类型，其中 0、4、11 号小种分布普遍。金光辉等[14]对 2004 年从黑龙江省采集的 51 株晚疫病菌菌株进行生理小种类型的鉴定，共鉴定出 21 个生理小种类型，其中小种 3. 4. 6. 7. 8. 9. 11 为优势小种，占被测晚疫病菌菌株的 15. 7%。韩彦卿等[15]从 2006－2008 年采自河北、黑龙江、福建、四川、云南和内蒙古 6 个省份的 57 个晚疫病菌菌株中，共鉴定出 30 个生理小种类型，在采自黑龙江省的 20 株晚疫病菌菌株中发现 14 个生理小种类型。王鹤等[16]鉴定了 2009 年自黑龙江和吉林两省采集的晚疫病菌菌株的生理小种类型，在黑龙江 33 个菌株中鉴定出 24 个生理小种类型，另外，还发现了 18 株“超级毒力小种”。王晨[17]从 2008－2011 年采自黑龙江的 41 个晚疫病菌菌株中鉴定出 15 个生理小种类型，优势小种为 1. 2. 3. 4. 5. 6. 7. 9. 10. 11，并发现 5 株“超级毒力小种”。郭梅[18]对 2010 年采自黑龙江的 95 个晚疫病菌菌株进行生理小种鉴定，共鉴定出 24 个生理小种类型，优势小种为 1. 3. 4. 7. 8. 10. 11。Wang 等[19]对 2004－2008 年采自黑龙江的 72 个晚疫病菌菌株进行生理小种鉴定，共鉴定出 39 个生理小种类型，优势小种为 1. 3. 4. 7. 10. 11。高云飞等[20]从 2010 年自哈尔滨市采集的 62 个晚疫病菌菌株中鉴定出 14 个生理小种类型，优势小种 1. 3. 4. 7. 8. 10. 11 出现频率为 33. 87 %。王腾[21]对 2010－2013 年采自黑龙江的 208 个晚疫病菌菌株进行生理小种鉴定，共鉴定出 75 个生理小种类型，在 2012 年与 2013 年分别发现 2 株与 1 株“超级毒力小种”，对生理小种多样性及生理小种毒力基因复杂性分析发现，2012 年生理小种复杂性及生理小种毒力基因复杂性均最高。这些研究表明，近年来黑龙江省马铃薯晚疫病菌生理小种日益复杂，但大多缺乏指数性分析。

本研究利用评价生理小种复杂性的 Gleason 多样性指数(H_G)与 Shannon(H_S)指数及评价毒力基因复杂性的 C_i 与 C_p 来评价 2004－2010 年黑龙江省马铃薯晚疫病菌生理小种及生理小种所包含的毒力基因的复杂性，结果显示，2007 年生理小种及生理小种毒力基因复杂性最低(H_G＝1. 67，H_S＝1. 47，C_i＝3. 18，C_p＝2. 8)。另从各年生理小种组成及优势小种来看，2004－2006 年生理小种组成相近，2007－2009 年生理小种组成相近。从毒力基因变化看，毒力基因 R3、R4、R7、R11 的频率在各年表现较平稳，其他毒力基因均出现较大幅度的起伏，并在 2007 年出现一个节点，在本年度毒力基因的频率几乎都出现下降趋势。

由此可见，2007 年黑龙江省马铃薯晚疫病生理小种的组成较之前发生变化，部分毒力基因消失或频率降低，生理小种毒力基因复杂性降低，而 2007 年全省干旱，仅在海伦市发现部分晚疫病菌菌株，从而致使 2007 年小种出现变化，并影响了 2008 年与 2009 年的生理小种组成。2010 年的生理小种组成较 2007－2009 年又发生变化，生理小种毒力基因复杂程度升高。

总之，以黑龙江省 2004－2010 年的生理小种鉴定结果来看，2004－2006 年晚疫病菌生理小种的复杂程度一直呈现升高趋势，而经过 2007 年的干旱环境后全省晚疫病菌生理小种数量及复杂程度都出现明显的下降，说明干旱不仅能降低晚疫病的发病率，还能降低生理小种的复杂程度；2010 年生理小种的复杂程度出现一定程度的升高，则说明干旱对晚疫病菌生理小种的影响是有限的，生理小种复杂程度不断升高的总体趋势是不变的。因此，今后的抗晚疫病育种工作应根据目前生理小种复杂程度不断升高的总体趋势，加快培育对晚疫病具有水平抗性的马铃薯品种。

4 结论

在黑龙江省 2004－2010 年 7 年间，2004－2006 年晚疫病菌生理小种的复杂程度一直处于缓慢上升阶段，自 2007 年干旱后生理小种复杂程度出现大幅下降，并影响到 2008 年与 2009 年的生理小种组成与复杂程度。因此，干旱能够改变生理小种的群体组成，年际间干旱影响着生理小种的组成，一个新的生理小种群体代替了原有的小种群体。但干旱对晚疫病菌生理小种的影响仍是短暂的，在长期的观察中，生理小种的变化仍是由简单到复杂的趋势。因此，之后马铃薯晚疫病菌生理小种的研究应注意到干旱对生理小种的影响。

参考文献

[1] 宋伯符，谢开云. CIP 的全球晚疫病防治倡议与我国的参与

[J]. 中国马铃薯，1997，11(1)：51－55.

[2] 宋伯符，王军，张志铭，等. 我国马铃薯晚疫病研究的进展和建议[J]. 马铃薯杂志，1996，10(3)：138－141.

[3] KohY J，Goodwin S B，Dyer A T，et al. Migrations and displacements of *Phytophthora infestans* populations in East Asian countries [J]. Phytopathology，1994，84(9)：922－927.

[4] 朱杰华，杨志辉，张风国. 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.

[5] 赵志坚，李灿辉，曹继芬，等. 云南省马铃薯致病疫霉毒性基因组成及毒力结构研究[J]. 中国农业科学，2007，40(3)：505－511.

[6] 李洪浩，张敏，雷高，等. 四川省马铃薯晚疫病菌生理小种组成及分布[C]//中国植物保护学会. 公共植保与绿色防控，2010：77－78.

[7] 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 mt DNA 单倍型组成分析[J]. 中国农业科学，2013，46(4)：728－736.

[8] 桂春爽. 北方四省致病疫霉致病型及拮抗菌复合发酵抑菌作用的研究[D]. 保定：河北大学，2010.

[9] 刘狄. 湖北西南地区马铃薯晚疫病生理小种组成分布与抗药性分析[D]. 武汉：华中农业大学，2011.

[10] 李继平. 甘肃马铃薯晚疫病菌群体结构及病害治理技术研究[D]. 兰州：甘肃农业大学，2013.

[11] Groth J V，Roelfe A P. The concept and measurement of phenotypic diversity in *Puccinia graminiis* on wheat [J]. Phytopathology，1987，77：1395－1399.

[12] Andrivon D. Race structure and dynamics in populations of *Phytophthora infestans* [J]. Canadian Journal of Botany，1994，72 (11)：1681－1687.

[13] 金光辉，文景芝，董传民，等. 黑龙江省马铃薯晚疫病生理小种的类型与分布状况研究[J]. 中国马铃薯，2003，17(4)：213－215.

[14] 金光辉，袁善奎，吕文河，等. 黑龙江省马铃薯晚疫病菌生理小种类型及交配型研究[J]. 东北农业大学学报，2006，37(5)：610－614.

[15] 韩彦卿，秦宇轩，朱杰华，等. 2006－2008 年中国部分地区马铃薯晚疫病菌生理小种的分布[J]. 中国农业科学，2010，43(17)：3684－3690.

[16] 王鹤，朱杰华，杨志辉，等. 2009 年黑龙江和吉林省马铃薯晚疫病菌表型结构研究[J]. 植物保护，2012，38(1)：151－154.

[17] 王晨. 马铃薯晚疫病菌的表现型和 SSR 基因型分析[D]. 哈尔滨：东北农业大学，2012.

[18] 郭梅. 黑龙江省马铃薯晚疫病菌表型特性研究[D]. 北京：中国农业科学院，2012.

[19] Wang Xiaodan，Guo Mei，Min Fanxiang，et al. Virulence complexity and high levels of fungicide resistance suggest population change of *Phytophthora infestans* in the Heilongjiang Province of China [J]. Potato Research，2012，55(3)：217－224.

[20] 高云飞，郭梅，王晓丹，等. 哈尔滨市马铃薯晚疫病菌生理小种的类型[J]. 中国马铃薯，2013，27(3)：168－171.

[21] 王腾. 黑龙江省马铃薯晚疫病菌群体结构研究及块茎抗病性鉴定[D]. 大庆：黑龙江八一农垦大学，2015.

（责任编辑：杨明丽）

沉痛悼念郭予元院士

中国工程院院士，著名农业昆虫学家，第八届、第九届全国政协委员，中国农业科学院植物保护研究所原所长、一级研究员郭予元，因病医治无效，于 2017 年 5 月 29 日凌晨 1 时 25 分在北京逝世，享年 84 岁。

郭予元(1933.1.1—2017.5.29)先生，广东潮阳人，出生于上海，1953 年毕业于北京农业大学植保系。曾任中国农业科学院植物保护研究所所长、农业部科学技术委员会常务委员、植物病虫害生物学国家重点实验室学术委员会主任、中国农业科学院植物保护研究所学术委员会主任、科技部攀登计划植保项目首席科学家、“973”计划专家顾问组成员、全国政协第八届、第九届委员、中国植保学会副理事长等职。2001 年，当选为中国工程院院士。郭予元先生创造性地提出了中国农作物病虫草鼠害综防技术分阶段发展的科学思路，创建了有中国特色的多病虫复合群体综合防治技术体系；制定了一系列棉铃虫防治新对策和技术，应用此技术体系的棉区曾是大灾之年大面积控制该虫害的突出样板；在棉铃虫迁飞、昆虫化学通讯机制、转基因抗虫棉花生物安全和靶标害虫抗性机制等方面取得突破性进展，对促进我国农业昆虫学基础研究起到了重要的学科带头作用；同时在麦类毁灭性害虫吸浆虫、麦种蝇的预测、综合治理中做出了显著成绩，是主张植物保护数理统计学应自成体系的创导者之一。他先后获国家科技成果奖 4 项、省部级科技成果奖 9 项，共发表科研论文 300 多篇，出版科技专著 22 部、译著 2 部。2001 年被中国科学技术协会评为全国优秀科技工作者，2002 年荣获中央组织部等国家四部委联合授予的“全国杰出专业技术人才”称号，2011 年获得国际植物保护科学协会颁发的“国际植物保护杰出贡献奖”，2012 年获得中国植物保护学会“植物保护终身成就奖”。

郭予元先生曾担任《植物保护》杂志第二届～第十届编委，其学识渊博，严谨求实，平和谦逊，平易近人，生前十分关注《植物保护》杂志，对于《植物保护》的进步和发展给予了很多具体指导，为《植物保护》学术质量的提高做出了突出贡献。《植物保护》编辑部全体同仁深切缅怀郭予元先生，并对郭先生的不幸逝世表示沉痛哀悼！

《植物保护》编辑部
2017 年 6 月