

2016—2020年西北部分地区马铃薯致病疫霉交配型分析

王立^{1,2}, 惠娜娜^{1,2}, 李培玲^{1,2}, 郑果^{1,2}, 李继平^{1,2}

(1. 甘肃省农业科学院植物保护研究所, 甘肃 兰州 730070; 2. 农业部天水作物有害生物科学观测试验站, 甘肃 甘谷 741299)

摘要: 为合理选用抗性品种防治马铃薯晚疫病, 采用对峙培养的方法对2016—2020年分离自甘肃、青海和宁夏等3省(区)25个县(区)的694株马铃薯致病疫霉[*Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary]进行了交配型测定。结果供试菌株中只检测到了A1交配型和A2交配型, 未发现A1A2和SF(自育型), 其中A2交配型菌株为优势菌株, 2016—2020年占所测菌株的比例分别为86.4%、96.3%、86.4%、80.9%、96.5%。5年间A2交配型菌株占比呈先升后降再升趋势。A2交配型比例的增大给马铃薯晚疫病的防控和抗病育种带来新的挑战。

关键词: 马铃薯; 致病疫霉; 交配型

中图分类号: S435.32

文献标志码: A

文章编号: 1001-1463(2022)07-0055-05

[doi:10.3969/j.issn.1001-1463.2022.07.013](https://doi.org/10.3969/j.issn.1001-1463.2022.07.013)

Mating Type Analysis of Potato Late Blight Disease in Some Areas of Northwestern China from 2016 to 2020

WANG Li^{1,2}, HUI Nana^{1,2}, LI Peiling^{1,2}, ZHENG Guo^{1,2}, LI Jiping^{1,2}

(1. Institute of Plant Protection, Gansu Academy of Agricultural Sciences, Lanzhou Gansu 730070, China; 2. Scientific Observing and Experiment Station of Crop Pests in Tianshui, the Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Gangu Gansu 741299, China)

Abstract: To select resistant varieties suitable for the control of potato late blight. From 2016 to 2020, the mating types of 694 *Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary isolated from 25 counties of 3 provinces (regions) including Gansu, Qinghai and Ningxia were determined by the method of confrontation culture. A1 and A2 mating types were the only two types detected, A1A2 and SF (self-fertile) types were not found. A2 mating type was the dominant one, the percentages of A2 mating type found in the samples each year from 2016 to 2020 were 86.4%, 96.3%, 86.4%, 80.9% and 96.5%, respectively, the percentage of A2 mating strains increased first, then decreased, and then increased in 5 years. The increase of mating type A2 has brought new challenges to the control and breeding of potatoes resistant to late blight.

Key words: Potato; *Phytophthora infestans*; Mating type

我国是目前世界马铃薯种植第一大国。据统计, 2019年我国马铃薯种植面积576.7万hm², 总产量9920.5万t, 占全球总种植面积的29.9%和总产量的25.6%(FAO数据)^[1]。马铃薯生产中, 由致病疫霉[*Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary]引起的晚疫病是最具有毁灭性的病害, 已被视为世界第一大作物病害^[2]。晚疫病在我国各马铃薯种植区常年发生, 尤其是湿度大、气候冷凉的地区。

据国家统计局官方数据, 2008—2017年我国马铃薯晚疫病普遍发生, 危害严重, 年平均发生面积197.47万hm², 约占马铃薯总种植面积的40.66%。甘肃省的马铃薯晚疫病年平均发生面积为36.29万hm²^[3], 严重发生的2012年和2013年, 马铃薯晚疫病发生面积占种植面积的比率分别达到84.7%。2012年, 山西、重庆、宁夏等省(区、市)的发生面积也超过了种植面积的60%^[4]。

收稿日期: 2022-03-09

基金项目: 国家自然科学基金(31560487); 甘肃省重点研发计划(18YF1NA095); 甘肃省科技计划项目(20CX9NA091); 甘肃省农业科学院科研条件建设及成果转化项目(2019GAAS23)。

作者简介: 王立(1978—), 女, 甘肃渭源人, 助理研究员, 主要从事植物病害及防控技术研究工作。Email: 1059124962@qq.com。

通信作者: 李继平(1964—), 男, 甘肃静宁人, 研究员, 主要从事植物病害及防控技术研究。Email: gsljp@163.com。

20世纪40年代之前,马铃薯晚疫病菌主要为A1交配型,1956年Neiderhauser在墨西哥中部发现了A2交配型^[5],1996年张志铭等^[6]首次在山西和内蒙古发现A2交配型菌株,随后赵志坚等^[7]、朱杰华等^[8]也报道了在云南、河北、四川等地存在A2交配型。田月娥^[9]的研究发现,2009年在甘肃和宁夏两个地区A1交配型菌株广泛分布,但2010年却没有检测到A1交配型菌株,而是A2交配型菌株在群体中占据优势。这种情况类似于欧洲一些国家晚疫病菌群体的变化形式,如芬兰和挪威在1993—1999年之间的交配型变化情况。如果A1、A2两种交配型同时存在,通过异宗配合进行有性生殖产生卵孢子,也有少量能自育产生卵孢子,卵孢子能够在土壤中越冬,成为次年主要的初侵染源^[10]。同时卵孢子多集中在马铃薯植株较低部位的叶片,喷雾防治时很可能避开杀菌剂,使得化学防治更加困难。因此,A2交配型的出现被认为是晚疫病在各地严重发生的主要原因,对抗病育种和晚疫病的防治提出了新的挑战^[11-12]。

我们在前人研究基础上继续监测了2016—2020年甘肃、青海、宁夏3地马铃薯产区晚疫病菌交配型并进行分析,以期生产中科学规范施药与合理选用抗性品种相结合防治马铃薯晚疫病提供参考。

1 材料与方法

1.1 材料

2016—2020年采集自甘肃、青海、宁夏3省(自治区)马铃薯主产区的不同马铃薯品种(系)的晚疫病病样共计5000余份,经分离、纯化、保存的致病疫霉菌株共计1040株,对其中694株进行了交配型测定。病样的采集地点涉及甘肃、青海、宁夏3地马铃薯主产区的25个县(区),包括甘肃省的皋兰县、榆中县、永登县、安定区、渭源县、陇西县、临洮县、民乐县、山丹县、永昌县、秦州区、张家川县、礼县、西和县、宕昌县、和政县、康乐县、静宁县、庄浪县、会宁县等20个县(区);宁夏的隆德县和西吉县;青海湟中县、大通县和湟源县。采集的病样寄主品种主要为冀张薯8号、冀张薯12号、陇薯3号、陇薯6号、陇薯7号、陇薯10号、陇薯12号、陇薯13号、陇

薯14号、陇薯18号、新大坪、庄薯3号、庄薯7号、庄薯8号、庄薯14号、天薯11号,定薯3号、定薯7号,中薯18号、中薯19号、中薯21号、中薯22号、中薯26号、农天1号、青薯2号、青薯9号、荷兰15、克新13号、宁薯12号、宁薯16号,希森6号,凯薯1号、凯薯2号,陇彩1号、甘农薯9号、下寨65、丹马3号、闽薯4号、兴加12号及天薯、陇薯、定薯系列部分品系。

1.2 方法

1.2.1 黑麦培养基和选择性培养基制备 黑麦番茄培养基制备方法为60g黑麦加水煮沸用4层纱布过滤,用其过滤液加琼脂13~15g、CaCO₃0.4g、番茄汁100mL,加蒸馏水定容至1000mL,分装,高压灭菌30min。

选择性培养基制备方法:60g黑麦煮沸用4层纱布过滤,过滤液加琼脂13~15g,蒸馏水定容至1000mL,分装高压灭菌30min。冷却至45℃后加抗生素利福平20mg/L、氨基青霉素100mg/L、五氯硝基苯(W=99%)50mg/L。

1.2.2 晚疫病病菌分离、纯化 选取易感病品种马铃薯块茎用75%酒精表面消毒,切成梯形状薯片(3~5mm厚)。将马铃薯单病斑叶片放入已灭菌的9cm培养皿中,叶片正面紧贴培养皿,背面朝上,每皿放1~3片病斑叶。用切好的马铃薯片压紧叶片,置于18℃光周期培养箱高湿黑暗培养3~6d。待薯片长出白色的霉层后,挑取少量菌丝于选择性培养基上,18℃培养箱高湿黑暗培养,菌落形成后转到黑麦番茄培养基上进一步的纯化并保存备用。

1.2.3 交配型的测定 采用国立耕等^[13]的皿内对峙法测定各菌株的交配型。将直径为5mm待测菌株分别在黑麦番茄培养基上进行单独培养和与标准菌株对峙培养,2菌饼间距2.0cm,置于18℃培养箱黑暗培养14d左右,在显微镜下观察卵孢子的产生。与A1标准菌株对峙培养后产生卵孢子,且与A2标准菌株对峙培养不产生卵孢子的菌株称为A2交配型菌株,反之则为A1交配型菌株,不需要对峙培养单独培养就能产生卵孢子的菌株为自育型(SF)菌株。交配型A1、A2标准菌株由西北农林科技大学单卫星教授提供。

2 结果与分析

2016—2020年采集分离的马铃薯晚疫病致病疫霉菌交配型测定结果见表1~5。

总的来看, A1、A2交配型共存的地区有甘肃的定西市安定区(2016年)、张掖市民乐县(2017年)、定西市渭源县(2018、2020年)、定西市通渭

县(2020年)、兰州市榆中县(2018年)和青海省西宁市大通县(2016年), 但甘肃省张掖市民乐县(2018年)和青海省西宁市大通县(2019、2020年)的菌株均仅为A1交配型; 甘肃省金昌市永昌县(2017、2019年)和甘肃省张掖市民乐县(2018年)采集分离的菌株均为A1交配型; 宁夏固原市隆德

表1 2016年马铃薯晚疫病病菌交配型组成与分布

采集地	菌株数 /个	交配型			
		A1		A2	
		菌株数 /个	比例 /%	菌株数 /个	比例 /%
甘肃省陇南市宕昌县	3	0	0	3	100
甘肃省定西市安定区	13	2	15.40	11	84.60
甘肃省天水市秦州区	1	0	0	1	100
青海省西宁市大通县	5	1	20.00	4	80.00
合计	22	3	13.60	19	86.40

表2 2017年马铃薯晚疫病病菌交配型组成与分布

采集地	菌株数 /个	交配型			
		A1		A2	
		菌株数 /个	比例 /%	菌株数 /个	比例 /%
甘肃省定西市渭源县	43	0	0	43	100
甘肃省定西市安定区	32	0	0	32	100
甘肃省兰州市皋兰县	11	0	0	11	100
甘肃省张掖市民乐县	14	2	14.30	12	85.70
甘肃省金昌市永昌县	3	3	100	0	0
甘肃省平凉市静宁县	3	0	0	3	100
甘肃省天水市张家川县	2	0	0	2	100
甘肃省临夏州康乐县	26	0	0	26	100
宁夏回族自治区固原市隆德县	1	0	0	1	100
合计	135	5	3.70	130	96.30

表3 2018年马铃薯晚疫病病菌交配型组成与分布

采集地	菌株数 /个	交配型			
		A1		A2	
		菌株数 /个	比例 /%	菌株数 /个	比例 /%
甘肃省定西市渭源县	124	2	1.60	122	98.40
甘肃省定西市安定区	62	0	0	62	100
甘肃省兰州市榆中县	8	2	25.00	6	75.00
甘肃省张掖市民乐县	32	32	100	0	0
甘肃省张掖市山丹县	6	6	100	0	0
甘肃省临夏州和政县	7	0	0	7	100
甘肃省陇南市西和县	39	0	0	39	100
甘肃省定西市陇西县	5	0	0	5	100
甘肃省天水市秦州区	4	0	0	4	100
宁夏回族自治区固原市西吉县	22	0	0	22	100
合计	309	42	13.6	267	86.40

表4 2019年马铃薯致病疫霉交配型组成与分布

采集地	菌株数 /个	交配型			
		A1		A2	
		菌株数 /个	比例 /%	菌株数 /个	比例 /%
甘肃省定西市渭源县	36	0	0	36	100
甘肃省定西市安定区	20	0	0	20	100
甘肃省兰州市榆中县	22	0	0	22	100
甘肃省平凉市庄浪县	1	0	0	1	100
甘肃省张掖市民乐县	3	3	100	0	0
甘肃省定西市临洮县	2	0	0	2	100
甘肃省兰州市永登县	11	0	0	11	100
甘肃省白银市会宁县	1	1	0	0	100
青海省西宁市湟中县	11	11	100	0	0
青海省西宁市大通县	5	5	100	0	0
青海省西宁市湟源县	3	3	100	0	0
合计	115	23	19.10	92	80.90

表5 2020年马铃薯致病疫霉交配型组成与分布

采集地	菌株数 /个	交配型			
		A1		A2	
		菌株数 /个	比例 /%	菌株数 /个	比例 /%
甘肃省定西市安定区	48	0	0	48	100
甘肃省定西市渭源县	24	1	4.20	23	95.80
甘肃省定西市陇西县	7	0	0	7	100
甘肃省定西市通渭县	17	2	11.80	15	88.20
甘肃省定西市漳县	4	0	0	4	100
甘肃省定西市岷县	1	0	0	1	100
甘肃省定西市临洮县	1	0	0	1	100
甘肃省兰州市榆中县	2	0	0	2	100
甘肃省平凉市静宁县	4	0	0	4	100
甘肃省天水市秦州区	4	0	0	4	100
青海省西宁市大通县	1	1	100	0	0
合计	113	4	3.50	109	96.50

县(2017年)、宁夏固原市西吉县(2018年)采集分离的菌株均为A2交配型;甘肃省其余马铃薯产区其他年份采集分离的菌株均为A2交配型。

2016—2020年菌株中只检测到了A1交配型,A2交配型,未检测到A1A2交配型和SF(自育型),A2交配型菌株占主导地位,A2交配型的菌株为优势菌株,比例高达88.9%。A2交配型菌株所占比例先升后降再升,2017年为96.3%,随后下降,2018年、2019年A2交配型菌株分别为86.4%、80.9%,随后又上升,2020年A2交配型菌株为96.5%;A1交配型菌株所占比例先降后升再降,

2019年最高达到了19.1%,2017、2020年分别达到3.7%和3.5%。

3 小结与讨论

对2016—2020年甘肃、青海、宁夏等3省(自治区)马铃薯晚疫病菌株共694株菌株的交配型监测,结果显示,5年间A2交配型菌株均为优势菌株,A2交配型菌株占比呈先升后降再升趋势。其中青海监测区域的马铃薯晚疫病菌株交配型均为A1,这与叶广继^[14]监测的青海2006—2007年马铃薯晚疫病菌株交配型为A1的结果一致。宁夏和甘肃康乐、和政、漳县和天水的马铃薯晚疫病

菌株交配型均为 A2, 王喜刚等^[15]对宁夏 2018—2019 年马铃薯主产区晚疫病菌株交配型监测结果为有 A1、A2、SF(自育型)3 种类型, A2 交配型菌株为优势菌株; 我们于 2007—2012 年监测到甘肃康乐县、和政县的马铃薯晚疫病菌株交配型有 A1A2 类型, 甘肃天水市、漳县的马铃薯晚疫病菌株交配型有 SF(自育型)^[16], 这与本次研究有差异, 其原因可能与菌株的采集范围和数量有限以及年际间交配型的变化有关。

2016—2020 年采集的菌株中, A2 交配型为优势菌株, 占各年所测菌株的比例分别为 86.4%、96.3%、86.4%、80.9%、96.5%, 其所占比例呈先升后降再升的趋势。张大为等^[16]2007—2012 年研究结果也表明, A1 交配型在许多马铃薯产区已逐渐被毒性更强的 A2 交配型取代, 意味着晚疫病菌株的变异速度会大大加快, 各地区间的种薯贸易加快了 A2 交配型传播与流行。A1、A2 交配型共存的地区(甘肃的定西安定区、民乐、渭源、通渭、榆中和青海的大通), 有性生殖就有可能发生。有性生殖不仅会产生具厚壁抗逆性强的卵孢子作为初侵染源, 还提供了遗传重组的机会, 导致出现致病力更强的生理小种^[17], 因此马铃薯晚疫病的防治和抗病育种将迎来更大的挑战。王腾等^[18]认为在几年内会出现 A2 交配型频率急剧下降甚至消失的状况, 之后 A2 交配型的频率则鲜有升高。A2 交配型先升后降的现象在欧洲多个国家同样存在, 这种现象发生的原因尚不明确, 推测可能是由于气候变化导致^[19]。因此, 马铃薯晚疫病菌株交配型的监测研究工作仍需继续, 各交配型出现频率变化的原因也需进一步研究。

参考文献:

- [1] 高明杰, 刘洋, 罗其友, 等. 2014—2015 年中国马铃薯产销形势分析//中国马铃薯大会论文集[C]. 北京. 2015.
- [2] 张艳萍, 令利军, 赵瑛, 等. 假单胞菌 HC5 对马铃薯晚疫病菌的抑制作用研究[J]. 甘肃农业科技, 2018(1): 33-36.
- [3] 李洁, 闫硕, 张芳, 等. 近年来中国马铃薯晚疫病的时空演变特征及防控情况分析[J]. 植物保护学报, 2021, 48(4): 703-711.
- [4] 黄冲, 刘万才. 近几年我国马铃薯晚疫病流行特点分析与监测建议[J]. 植物保护, 2016, 42(5): 142-147.
- [5] NIEDERHAUSER J S, MILLS W R. Resistance of *Solanum* species to *Phytophthora infestans* in Mexico[J]. *Phytopathology*, 1953, 43(8): 456-457.
- [6] 张志铭, 王军. 中国发生马铃薯晚疫病菌株 (*Phytophthora infestans*) A2 交配型[J]. 河北农业大学学报, 1996(4): 62-65.
- [7] 赵志坚, 何云昆, 李成云, 等. 云南省马铃薯晚疫病菌株 A2 交配型初步研究//中国作物学会马铃薯专业委员会 1999 年年会论文集[C]. 呼和浩特. 1999.
- [8] 朱杰华, 张志铭, 李玉琴. 马铃薯晚疫病菌株 (*Phytophthora infestans*) A2 交配型的分布[J]. 河北农业大学学报, 2000, 30(4): 73-75.
- [9] 田月娥. 我国西北马铃薯主产区晚疫病菌株群体遗传多样性研究[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2015.
- [10] ZWANKHUIZEN M J, GOVERS F, ZADOKS J C. Inoculum sources and genotypic diversity of *Phytophthora infestans* in southern Flevoland, the Netherlands[J]. *European Journal of Plant Pathology*, 2000, 106(7): 667-680.
- [11] FRY W E, GR NWALD N J, COOKE D E L, et al. Population Genetics and Population Diversity of *Phytophthora infestans*[M]. *Oomycete Genetics and Genomics: Diversity, Interactions, and Research Tools*, 2008.
- [12] 闵凡祥, 王晓丹, 胡林双, 等. 黑龙江省马铃薯晚疫病菌株交配型的研究[J]. 中国马铃薯, 2010, 24(1): 47-49.
- [13] 国立耘, 杨艳丽, 罗文富. 云南省马铃薯晚疫病菌株交配型及生物学特性研究[J]. 植物病理学报, 2002(1): 49-54.
- [14] 叶广继. 青海马铃薯晚疫病菌株群体遗传多样性研究[D]. 西宁: 青海大学, 2008.
- [15] 王喜刚, 郭成瑾, 张丽荣, 等. 宁夏马铃薯晚疫病菌株交配型和生理小种研究[J]. 植物保护, 2022, 48(1): 227-233.
- [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] SCOFIELD S R, TOBIAS C M, RATHJEN J P, et al. Molecular basis of gene-for-gene specificity in bacterial speck disease of tomato[J]. *Science*, 1996, 274(5295): 2063-2065.
- [18] 王腾, 孙继英, 汝甲荣, 等. 中国马铃薯晚疫病菌株交配型研究进展[J]. 中国马铃薯, 2018, 32(1): 48-53.
- [19] DAY J P, WATTIER R A M, SHAW D S, et al. Phenotypic and genotypic diversity in *Phytophthora infestans* on potato in Great Britain, 1995-98 [J]. *Plant Pathology*, 2010, 53(3): 303-315.