

· 综 述 ·

# 云南省马铃薯病害主要病原研究进展<sup>\*</sup>

赵志坚，何云昆，隋启君

(云南省农业科学院生物技术研究所，昆明 650223)

**摘 要：**晚疫病、青枯病、软腐病和病毒病等是常年危害云南省马铃薯生产的主要病害，每年均引起十分严重的损失。以前对这些病害病原菌的诸多方面缺乏详细的了解。本文论述了马铃薯主要病害病原菌的生物学特性、群体组成、分布范围、发生频率等内容研究取得的一些进展。可为云南马铃薯抗病品种的选育、种质资源筛选与评价以及病害综合防治策略的合理制定提供理论依据。

**关键词：**马铃薯；病害；病原菌；云南省

**中图分类号：**S532，S435.32      **文献标识码：**A      **文章编号：**1001-0092 (2001) 02-0093-03

## 1 前 言

随着马铃薯脱毒良种繁育及示范推广技术体系在云南省的建立、逐步完善以及 90 年代中期以后，马铃薯加工产业在我省蓬勃发展，各级政府部门、科研院所和广大基层农业推广部门加强了对马铃薯的重视和投入，极大地推动了云南省马铃薯科研和生产的发展<sup>[1]</sup>。然而，由于马铃薯可患多种因细菌、真菌、病毒、类病毒等侵染引起的病害<sup>[2]</sup>，加之云南属我国西南单、双季混作区，其立体气候的多样性、土壤类型、生态环境、部分地区粗放的耕作制度以及对种薯缺乏有效的检疫等等原因，全省各马铃薯产区病害种类多，常年发生，危害十分严重，成为制约我省马铃薯生产和加工产业进一步发展的限制因素。防治病害最根本有效的方法是选用抗病品种，由于以往缺乏系统的研究，因而不清楚这些病原菌各自的组成和分布情况，抗病育种工作也就缺乏理论依据。本文拟对我省马铃薯生产上常年危害的晚疫病、青枯病、软腐病、病毒病等主要病害在近年来取得的进展作简要综述，以期能为云南省马铃薯常规抗病育种或基因工程育种以及病害综合防治工作提供理论依据。

收稿日期：2000—10—08

<sup>\*</sup> 云南省“九五”攻关重点项目，云南省自然科学基金项目，云南省农业生物技术重点实验室开放基金项目资助。

**作者简介：**赵志坚 (1972—)，男，云南省农科院生物技术所助理研究员，主要从事植物病理学及马铃薯生物技术育种方面的研究。

## 2 研究进展

### 2.1 马铃薯晚疫病菌

晚疫病是世界马铃薯生产的第一大病害，每年在世界各地均造成十分巨大的经济损失。其病原菌是卵菌纲疫霉属致病疫霉 (*Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary)，属活体营养型，寄主范围狭窄，有 A1 和 A2 两种交配型 (Mating Type)，进行异宗配合，产生卵孢子进行世代交替。当只有一种交配型存在时，晚疫菌进行无性繁殖，产生孢子囊，通过游动孢子侵染寄主植物；当两种交配型互动时，菌丝体相互产生有性器官藏卵器和雄器进行有性生殖，可产生卵孢子完成其世代交替。卵孢子第二年成为重要的初侵染源感染寄主植物<sup>[6]</sup>。

20 世纪 80 年代以后，由于晚疫病菌 A2 交配型和新基因型的产生和全球迁移，群体结构的变化使其适应性和致病性更强，晚疫病流行频率提高，危害更加严重<sup>[7]</sup>。90 年代以来，云南省马铃薯晚疫病发生十分严重，平均减产 30% 以上，重者减产 80% 甚至绝产。据报道，晚疫病菌 A2 交配型已经对云南省马铃薯生产造成严重的威胁<sup>[8,9]</sup>。赵志坚等从云南省三个不同种植区：滇北大春一季作种植区、滇中多季作种植区和滇南冬季作种植区内的 12 个马铃薯产区采集晚疫病样，对云南省马铃薯晚疫病菌交配型的分布及发生频率进行了研究。253 个马铃薯晚疫病菌菌株中，A1 交配型菌株 204 个，占 80.6%，仍旧为优势病原菌，分布于所有

马铃薯产区; A<sup>2</sup> 交配型菌株 41 个, 发生频率为 16.2%, 主要分布于曲靖、宣威、昆明、禄劝、楚雄、武定、个旧等马铃薯产区, 各产区间 A<sup>2</sup> 交配型的发生频率有所不同, 约在 10.7%~35% 之间。不同菌株间有性世代形成有明显差异, 产卵孢子量约在  $1 \times 10^2 \sim 2 \times 10^4$  个/cm<sup>2</sup> 之间。同时还检测到 8 个自育型 (self-fertile) 菌株, 其菌落培养特征与 A<sup>1</sup>、A<sup>2</sup> 交配型菌落特征有显著差异。研究结果还显示: A<sup>1</sup>、A<sup>2</sup> 两种交配型菌株在一个群体中同时存在, 甚至共存于同一田块同一马铃薯植株上, 这就预示着在田间自然条件下, 晚疫病菌两种相反交配型发生有性世代的极大可能性。遗传物质的重组, 导致了新的生理小种和致病力强毒株的产生, 这对控制本来就难以防治的晚疫病提出了新的挑战。

我省推广应用的抗病良种中心 24、CFK69.1、I-1085、会-2、合作 88 等品种对晚疫病抗性近几年内完全丧失或正迅速被克服, 很可能正是因为 A<sup>2</sup> 交配型和新基因型菌株扩散后带来的恶果。鉴于目前 A<sup>2</sup> 交配型尚未完全在我省传播和蔓延开来, 必须建立严格的种薯检疫制度, 合理地进行品种布局, 防止人为地将晚疫病菌 A<sup>2</sup> 交配型传入其他未检测到 A<sup>2</sup> 交配型的产区。

目前, 该实验室正在开展晚疫病菌遗传与变异、生理小种组成及分布、抗药性、卵孢子生物学及作为初侵染源的流行病学等方面的研究。

## 2.2 马铃薯青枯病菌

由 *Ralstonia solanacearum* (Smith, 1896) Comb. cov 引起的青枯病是仅次于晚疫病的马铃薯生产上最重要的细菌性病害, 可通过种薯或土壤传病。由于马铃薯栽培品种不断更替, 异地引种、调种以及环境条件等因素的影响, 近年来, 青枯病在云南马铃薯产区普遍发生, 危害日趋严重。

根据青枯菌对 3 种双糖和 3 种己醇的氧化利用能力, 国际上公认将青枯菌划分为五个生物型 (Biotype) I、II、III、IV、V<sup>[10]</sup>。10 多年前, 华静月等<sup>[11]</sup>曾报道我国马铃薯青枯菌由生物型 II、III、IV 组成, 其中生物型 II (小种 3 号) 占绝大多数, 是我国马铃薯青枯菌的优势菌系, 但其供试菌株中仅有 2 个云南菌株, 不能代表云南省的青枯菌组成情况。何云昆等<sup>[12]</sup>通过对云南省马铃薯产区青枯菌的研究, 报道了我省马铃薯青枯菌系主要由三个生物型,

生物型 III (17/57)、生物型 V (9/57) 和新生物型 (31/57) 组成, 其中生物型 III 和新生物型为主要菌系, 并首次发现云南马铃薯青枯菌存在复合侵染的现象, 即: 不同生物型的青枯菌菌株侵染同一马铃薯植株。生物型 III 广泛分布于江川、峨山、昆明、曲靖、宣威等地, 新生物型集中分布于昆明、曲靖、宣威, 而生物型 V 则分布于开远和宣威。研究表明, 云南省各地青枯菌系组成复杂, 同一产区相同栽培品种可被两个不同的生物型侵染。

青枯菌的生物型并不是一个稳定的群体, 青枯菌的生长与温度、光照强度、土壤湿度、土壤类型、线虫群体等生态因子和寄主植物抗性有密切关系<sup>[13]</sup>。在长期的演变进化过程中, 由于具体生态条件的影响, 云南省马铃薯青枯菌生物型组成可能比 10 多年前有了较大的变化。

## 2.3 马铃薯细菌性软腐病原菌

马铃薯细菌性软腐病是国内外马铃薯产区发生很普遍的重要病害之一, 主要发生在贮藏期和收获后的运输过程中<sup>[2]</sup>。引起马铃薯细菌性软腐病的欧氏杆菌有胡萝卜软腐欧氏杆菌黑胫亚种 (*Erwinia carotovora* var. *atroseptica* (Van hall) Dye, 简称 Eca)、胡萝卜软腐欧氏杆菌胡萝卜亚种 (*Erwinia carotovora* var. *carotovora* Dye, 简称 Ecc) 和菊欧氏杆菌 (*Erwinia chrysanthemi* Burkholder et al, 简称 Echr)<sup>[2, 14]</sup>。但以前有关这三种病原菌在我省的组成不清楚。最近, 赵志坚等<sup>[15]</sup>报道了对云南马铃薯软腐病原菌分离鉴定的结果, 引起云南马铃薯细菌性软腐的欧氏杆菌有 Ecc、Echr 及一个中间型。其中 Ecc 为优势侵染病原菌, 占鉴定菌株的 65%, 广泛分布于所有的供试马铃薯块茎上, 表明该病原菌对马铃薯的不同品种无明显特异性, 均可引起马铃薯致病; Echr 占 15%, 中间型菌株占 20%, 但其特征更偏向于 Ecc。在鉴定的菌株中, 没有发现 Eca, 可能与 Eca 主要分布于我国北方地区有关。从云南分离到的软腐欧氏杆菌, 在一些生理生化反应上与已报道的菌株有明显差异, 说明软腐欧氏杆菌的命名种或亚种各菌株的一些生理生化性状是不稳定的, 可能与它们分布的适宜环境相关。应该指出的是, 受样本数量和鉴定菌株数量的限制, 所得结果是否具有代表性仍值得作进一步研究。

## 2.4 马铃薯病毒病病原

马铃薯病毒病和种薯退化过去在我省十分突

出,但随着脱毒良种繁育体系的建立和完善,全省范围内脱毒良种的推广应用,在很大程度上解决了病毒病侵染危害的问题。目前,马铃薯病毒病已不是我省马铃薯生产和加工产业发展的主要限制性因素<sup>[16]</sup>。

据裴美云报道,侵染我国马铃薯的病毒种类有7种<sup>[17]</sup>。张仲凯<sup>[18]</sup>等从云南不同地区、不同季节调查、采集病毒样品,通过电镜技术、血清学反应、酶联免疫吸附、生物测定等检测技术研究了云南马铃薯病毒种类及分布。引起云南马铃薯感染的病毒病原有:马铃薯病毒 X (PVX), 马铃薯病毒 Y (PVY), 马铃薯卷叶病毒 (PLRV), 烟草脆裂病毒 (TRV) 和马铃薯病毒 M (PVM) 等5种。这些病毒种类与马铃薯品种、地区、采集时间均无相关性,与病症有一定相关性,花叶、皱缩、黄化样品中均检测出 PVY、PVX、PVM 和 TRV, 卷叶症状的样品中检测到 PLRV。研究发现,品种因感染病毒退化的速度取决于种薯带毒率及带毒量,高海拔凉爽地区退化较慢,低海拔温热地区退化较快,病毒病的严重程度主要与种薯带毒情况及气候类型有关。从全省范围调查的结果显示:PVY、TRV、PLRV 在各地均普遍发生, PVY 危害严重, PVX 只在局部地区的老品种上危害严重。

随着分子病毒学的发展,该实验室正与国际马铃薯中心(CIP)合作,开展以核酸同源性来划分病毒种及其株系的研究。

### 3 结束语

以上对晚疫病、青枯病、软腐病和病毒病等四个方面的研究进展只是近年来我省资助开展马铃薯相关研究的一些初步结果。由于云南在马铃薯病害方面的研究起步晚,基础较为薄弱,许多研究工作未能有效地开展和延续,尤其是对于我省马铃薯生产、抗病育种和综合防治具有重要战略地位的晚疫病和青枯病,除了继续对抗性品种的选育外,对其病原菌进行更加深入的研究和探索已显得十分紧迫和必要。此外,随着现代生物技术的迅速发展,基于核酸(DNA和RNA)的分子标记技术已越来越广泛地应用于植物病原菌的各个研究领域<sup>[19,20]</sup>,其丰富的多态性为病原菌的研究提供了大量可靠的遗传标记,有助于对病原菌群体遗传结构和演变规律的认识,从而提

高病害控制水平,今后应加强这方面的研究工作。

## 参 考 文 献

- [1] 何云昆等. 云南省马铃薯生产及品种评价 [J]. 中国马铃薯, 2000, 14 (2): 122—124.
- [2] 黑龙江省农业科学院马铃薯研究所主编. 中国马铃薯栽培学 [M]. 北京: 中国农业出版社, 1994, 266—333.
- [3] 宋伯符等. 我国马铃薯晚疫病研究的进展及建议 [J]. 马铃薯杂志, 1996, 10 (3): 138—142.
- [4] 宋伯符等. CIP 的全球晚疫病防治倡议与我国的参与 [J]. 马铃薯杂志, 1996, 11 (1): 51—55.
- [5] Gallegly, A et al. Mating types and oospores of *Phytophthora infestans* in nature in Mexico. *Phytopathology*, 1958, 48: 274—277.
- [6] Drenth, A et al. Formation and survival of oospores of *Phytophthora infestans* under natural conditions. *Plant Pathology*, 1995, 44: 86—94.
- [7] Fry, W E et al. Historical and recent migration of *Phytophthora infestans*: chronology, pathway and implications. *Plant Disease*, 1993, 77: 653—661.
- [8] 赵志坚等. 云南省发现马铃薯晚疫病菌 (*Phytophthora infestans*) A2 交配型 [J]. 西南农业学报, 1999, 12 (3): 1—3.
- [9] 赵志坚等. 云南省马铃薯晚疫病菌 A2 交配型初步研究 [M]. 见: 中国马铃薯研究进展 (陈伊里主编). 哈尔滨: 哈尔滨工程大学出版社, 1999, 272—276.
- [10] Hayward, A C et al. Characteristic of *Pseudomonas solanacearum*. *J. Appl. Bact.*, 1964, 27 (2): 265—277.
- [11] 华静月等. 我国马铃薯青枯菌系和初步研究 [J]. 植物病理学报, 1985, 15 (3): 181—184.
- [12] 何云昆等. 云南省马铃薯青枯菌生物型研究 [J]. 西南农业学报, 1999, 12 (4): 78—81.
- [13] Hayward, A C. Biology and epidemiology of bacterial wilt caused by *Pseudomonas solanacearum*. *Annu Rev Phytopathol*, 1991, 29: 65—87.
- [14] 王金生等. 马铃薯软腐细菌的鉴定 [J]. 植物病理学报, 1985, 15: 25—30.
- [15] 赵志坚等. 云南马铃薯细菌性软腐病原菌的分离鉴定 [J]. 云南农业大学学报, 2000, 4.
- [16] 张勇飞. 对完善云南省马铃薯良种繁育体系的一些看法和建议 [J]. 马铃薯杂志, 1998, 12 (4): 237—239.
- [17] 裴美云. 中国的植物病毒 [M]. 北京: 科学出版社, 1986, 258—266.
- [18] 张仲凯等. 云南主要茄科作物病毒种类及其分布 [J]. 云南大学学报 (自然科学版), 1998, 20 (2): 128—131.
- [19] Joan, M H et al. The polymerase chain reaction and plant disease diagnosis. *Annu Rev Phytopathol*, 1993, 31: 81—109.
- [20] 陈万权等. DNA 分子标记在植物真菌病害研究中的应用 [J]. 植物保护学报, 1999, 26 (3): 277—282.