

青海省辣椒疫霉菌交配型分析及分布特征

付迎坤^{1,2}, 田晓丽^{1,2}, 李屹^{1,2}, 李莉^{1,2}

(1. 青海大学 农林科学院, 青海 西宁 810016; 2. 青海省蔬菜遗传与生理重点实验室, 青海 西宁 810016)

摘要:以青海省不同地区的 42 株辣椒疫霉菌为试材, 采用直接配对法进行了交配型的测定。结果表明: A1 交配型 14 株、A2 交配型 26 株、A0 交配型 2 株, 分别占被测菌株总数的 33.3%、61.9%、4.8%, 未发现其它交配型辣椒疫霉菌。青海省辣椒疫霉菌交配型呈不均势分布, 其中以 A2 交配型占主要优势。

关键词:辣椒疫霉; 交配型; 分布特点; 青海省

中图分类号:S 641.3 **文献标识码:**B **文章编号:**1001-0009(2014)18-0139-03

辣椒疫病是辣椒生产上最严重的土传病害之一^[1]。该病由致病疫霉菌引起, 不同作物的致病疫霉可以互相感染, 但存在致病力的差异^[2]。云南^[3]、福建^[4]、甘肃^[5]、安徽^[6]等省份都对该病原菌交配型展开过研究。关于该病病原菌的抗药性, 致病力已有报道^[7-10]。国外对该病病原菌研究水平较高, 而国内分子水平研究相对较低。青海省地处青藏高原, 气候干燥偏冷, 导致作物种植面积偏少, 大部分种植地区都存在重茬播种, 导致辣椒疫病的发生日趋严重, 发病迅速且范围大。青海省对辣椒疫病的研究起步较晚, 目前报道的研究都集中在发病规律和防治措施以及该病病原菌的接种技术方面^[11-12]。该试验对青海省辣椒疫霉菌进行了交配型的测定, 以为青海省辣椒疫病的防治和抗病育种提供一定的理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

该试验所用 42 个供试菌株均为青海省农林科学院园艺所自 2010—2013 年在青海省各种辣椒地区采集病株分离所得, 经鉴定、纯化后保存备用。其中西宁市 5 株、贵德县 5 株、循化县 8 株、大通县 4 株、互助县 4 株、湟中县 2 株、乐都县 14 株。采集地点基本涵盖青海省辣椒种植区域。

第一作者简介:付迎坤(1987-), 男, 河南新乡人, 硕士, 现主要从事辣椒抗病育种等研究工作。E-mail: henanfyk@163.com.

责任作者:李莉(1959-), 女, 江苏丰县人, 本科, 研究员, 硕士生导师, 现主要从事蔬菜遗传育种及栽培生理等研究工作。E-mail: yslili@163.com.

基金项目:国家公益性行业(农业)科研专项资助项目(201003004); 青海省农林科学院中青年创新基金资助项目(2012-NKY-02)。

收稿日期:2014-04-21

标准交配型菌株 HD-3(A1 交配型)和 SX-5(A2 交配型)由中国农业大学刘西莉教授惠赠。

1.2 试验方法

交配型测定参照郑小波^[13]的直接配对法, 将供试菌株和标准交配型菌株分别在 PDA 培养基上培养。5 d 后用直径 4 mm 的灭菌打孔器沿菌落边缘打孔。将供试菌株分别与 A1 交配型、A2 交配型标准交配型菌株置于同一培养基中配对, 2 个菌饼之间相距 4 cm 左右, 并与自身配对作对照, 每处理设 3 次重复。将处理过的培养基置于黑暗中 20~25℃ 下培养 10~15 d, 将配对培养的培养皿倒置于显微镜载物台上, 直接在显微镜下(10×10)仔细检查 2 个菌交接处及其周围是否有藏卵器、雄器和卵孢子产生。

待测菌株的交配型标准^[14]: 仅与 A1 交配型菌株配对产生卵孢子的为 A2 交配型菌株; 仅与 A2 交配型菌株配对产生卵孢子的为 A1 交配型菌株; 与 A1 和 A2 交配型菌株配对均不产生卵孢子的为 A0 交配型菌株; 单株培养即可产生卵孢子的为 A1A2 交配型菌株; 与 A1 和 A2 交配型菌株配对均产生卵孢子, 但单株培养不产生卵孢子的为 A1、A2 交配型菌株。

2 结果与分析

2.1 辣椒疫霉菌交配型

2.1.1 辣椒疫霉菌采集来源及交配型 共发现 3 种交配型辣椒疫霉菌菌株, 分别为 A1、A2 和 A0 这 3 种交配型, 具体分布见表 1 所示。

2.1.2 辣椒疫霉菌各采集区数量、交配型比例和总数比例 从表 2 可以看出, 待测的辣椒疫霉菌共 42 株, 其中 A1 交配型菌株共 14 株, 占被测总株数的 33.3%; A2 交配型菌株 26 株, 占被测总株数的 61.9%; A0 交配型菌株 2 株, 占被测总株数的 4.8%。

表 1 青海辣椒疫霉菌采集来源及交配型

Table 1 Origin and mating types of causal organism of pepper in Qinghai province

种编	号采集地点	交配型
LL01	乐都柳湾村	A1
LL02	乐都柳湾村	A1
LL03	乐都柳湾村	A2
LL04	乐都柳湾村	A1
LL05	乐都柳湾村	A2
LL06	乐都柳湾村	A1
LX01	乐都连信种植专业合作社	A1
LX02	乐都连信种植专业合作社	A2
LC01	乐都长理村	A2
LC02	乐都长理村	A2
LC03	乐都长理村	A2
LC04	乐都长理村	A2
LC05	乐都长理村	A2
LC06	乐都长理村	A2
HG01	湟中高庙小河滩村	A2
HH01	湟中黑嘴村	A2
HX01	互助下二村	A2
HX02	互助下二村	A2
HW01	互助威远镇兰家村	A0
HW02	互助威远镇兰家村	A2
DT01	大通示范基地	A2
DT02	大通示范基地	A2
DT03	大通示范基地	A1
DT04	大通县	A0
XX01	循化新建村	A2
XX02	循化新建村	A2
XX03	循化新建村	A2
XX04	循化新建村	A2
XX05	循化新建村	A2
XC01	循化查汉斯都乡	A1
XC02	循化查汉斯都乡	A1
XC03	循化查汉斯都乡	A1
GX01	贵德杂让乡希望村	A1
GX02	贵德杂让乡希望村	A1
GX03	贵德杂让乡希望村	A2
GX04	贵德杂让乡希望村	A2
GX05	贵德杂让乡希望村	A2
XN01	西宁市园艺所温室	A2
XN02	西宁市园艺所温室	A1
XN03	西宁市园艺所温室	A1
XN04	西宁市园艺所温室	A2
XN05	西宁市园艺所温室	A1
GX05	贵德杂让乡希望村	A2
XN01	西宁市园艺所温室	A2
XN02	西宁市园艺所温室	A1
XN03	西宁市园艺所温室	A1
XN04	西宁市园艺所温室	A2
XN05	西宁市园艺所温室	A1
XN03	西宁市园艺所温室	A1
XN04	西宁市园艺所温室	A2
XN05	西宁市园艺所温室	A1

2.2 辣椒疫霉菌交配型分布特点

交配型结果表明,青海省辣椒疫霉菌共检测出 3 种交配型菌株,分别为 A1 交配型,A2 交配型和 A0 交配型。没有检测到 A1A2 交配型菌株和 A1、A2 交配型菌株,说明这 2 种交配型在青海省分布比例较小或是没有分布。由表 1、表 2 可知,青海省辣椒疫霉菌 A2 交配型菌株所占比例较大,为优势菌株,其次为 A1 交配型菌株,A0 交配型菌株所占比例较小。除了西宁市,其他地区均以 A2 交配型菌株为优势菌株,其中湟中县和互助县 A2 交配型菌株占绝对优势。

同一县市不同村镇几种交配型分布呈不均势分布。乐都县 3 个采集地点中,乐都柳湾村与乐都连信种植专业合作社 A1 和 A2 交配型菌株均有分布,而乐都长理村只有 A2 交配型菌株。湟中 2 个采集地点均为 A2 交配型菌株。循化县辣椒疫霉菌交配型分布差异比较明显,循化新建村只有 A2 交配型菌株,循化查汉斯都乡则全部为 A1 交配型菌株。结果表明,A2 交配型菌株表现出的优势是针对整个青海省来说的,在局部地区,2 种常见的辣椒疫霉菌则表现出与整体相反的优势差异,这也进一步表明青海省辣椒疫霉菌交配型分布的不均势。

3 讨论与结论

辣椒疫霉菌为异宗配合卵菌,对于其交配型及分布的研究,具有很重要的意义。一方面可以使人们进一步了解辣椒疫病的发病规律,为其防治提供理论依据;另一方面,对其交配型的研究,可以进一步了解该菌的生物学特性,对其进化机制,也有重要的理论意义。辣椒疫霉菌的异宗配合可以使其基因组发生重组,导致其遗传变异复杂化,其致病力、抗病性、耐药性等产生分化的几率大大增加,对其防治产生更大的困难。贾菊生^[15]研究发现,新疆辣椒疫霉菌有同宗配合的现象。甘肃省发现的中性交配型菌株^[16],根据马国胜等^[14]的疫霉菌交配型确定标准,应属于 A1、A2 交配型。西藏辣椒疫霉菌发现 A2 自育型^[17]。甘肃省辣椒疫霉菌以 A1 交配型与 A0 交配型占绝对优势,A2 交配型菌株占有比例较小^[18]。安徽省辣椒疫霉菌株以 A2 交配型为主,A1 交配型占总被测株数的 9.4%,没有其它交配型的发现^[6]。该研究结果显示,青海省辣椒疫霉菌存在 3 种交配型,分别为 A1、A2 和 A0,但只有 A1 和 A2 交配型占有较大比例,其它交配型目前尚未被发现。结合其他省份的研究,我国辣椒疫霉菌虽然具有丰富的遗传多样性,但是交配型的分布仍然以 A1、A2 以及 A0 这几种交配型占主要优势。其它交配型虽有发生,发生频率并不高。

同一地区辣椒疫霉菌多种交配型的发现表明,该地区辣椒疫霉菌发生变异的频率将大大增加,这将为该地区辣椒疫病的防治产生较大的难度,青海省同时存在 2 种以上辣椒疫霉菌交配型的地区,应该多注意辣椒疫

表 2 辣椒疫霉菌各采集区数量、交配型比例和总数比例

Table 2 Distribution and occurrence frequency of mating type of *Phytophthora capsici* in Qinghai province

菌种采集地点	菌种总数量	A1 交配型数量	A1 交配型比例/%	A2 交配型数量	A2 交配型比例/%	A0 交配型数量	A0 交配型比例/%
乐都县	14	5	35.70	9	64.30	0	0
湟中县	2	0	0	2	100.00	0	0
互助县	4	0	0	3	75.00	1	25.00
大通县	4	1	25.00	2	50.00	1	25.00
循化县	8	3	37.50	5	62.50	0	0
贵德县	5	2	40.00	3	60.00	0	0
西宁市	5	3	60.00	2	40.00	0	0
总数	42	14	33.30	26	61.90	2	4.80

病大面积的发生及防治,对于发病的辣椒植株采取妥善的处理方式,尽量延缓不同交配型辣椒疫霉菌向其他地区的传播。对于那些只存在一种交配型的地区,也应当控制辣椒疫病的发生,并且引进辣椒品种时,应该严格检测,避免其它不同交配型的辣椒疫霉菌的侵入。

参考文献

[1] 钱忠海,陈长军,王建新.辣椒疫霉不同发育阶段对啮菌酯的敏感性研究[J].植物病理学报,2006,36(4):322-327.
[2] 戚仁德,丁建成,顾江涛.辣椒疫霉致病力分化的初步研究[J].植物保护学报,2002,29(2):189-190.
[3] Ryu K Y,罗文富,杨艳丽,等.云南省马铃薯晚疫病菌的交配型、抗药性及生理小种分布的研究[J].植物病理学报,2003,33(2):126-131.
[4] 吕新.福建省致病疫霉群体遗传结构研究[D].石家庄:河北师范大学,2007.
[5] 张海英,刘永刚,吕和平,等.甘肃省辣椒疫病菌交配型的测定和其地理分布的研究[J].西北农业学报,2008,17(5):91-93.
[6] 戚仁德,汪涛,李萍,等.安徽省辣椒疫霉交配型的分布及在无性后代的遗传[J].植物病理学报,2012,42(1):45-50.
[7] 戚仁德,丁建成,高智谋,等.安徽省辣椒疫霉对甲霜灵的抗药性监测[J].植物保护学报,2008,35(3):245-250.

[8] 王文桥,马志强,张小凤,等.致病疫霉抗药性、交配型和适合度[J].植物病理学报,2002,32(3):278-283.
[9] 李智军,龙卫平,郑锦荣,等.广东辣椒疫霉菌分离鉴定及其致病力和生理小种分化研究[J].华南农业大学学报,2007,28(1):50-54.
[10] 戴万安,李晓忠,董伟成,等.辣椒疫病菌病原菌观察及致病机理初步研究[J].西藏农业科技,2005,25(3):10-13.
[11] 陈坚忠.青海高海拔地区辣椒疫病的发生及防治措施[J].作物杂志,2008(4):83-84.
[12] 戚文荣.乐都长辣椒疫病接种鉴定技术研究[J].青海农林科技,2008(3):63-67.
[13] 郑小波.疫霉菌及其研究技术[M].北京:中国农业出版社,1995.
[14] 马国胜,高智谋.安徽省烟草黑胫病菌的交配型及其地理分布研究[J].植物病理学报,2006,36(6):566-568.
[15] 贾菊生.新疆辣椒疫病及防治研究[J].植物病理学报,1992,22(3):257-262.
[16] 沈崇尧,王有琪,田林,等.甘肃省辣椒疫病病原菌鉴定及生物学特性研究[J].云南农业大学学报,1990,5(2):72-77.
[17] 梁月,张国珍,戴万安.西藏辣椒疫病菌及其对新型杀菌剂地敏感性测定[J].植物保护,2006,32(2):75-78.
[18] 刘永刚,张海英,郭建国,等.甘肃省辣椒疫霉菌的交配型分布及其致病力差异[J].植物保护学报,2002,29(2):189-190.

Mating Types and Distribution Characteristics of *Phytophthora capsici* in Qinghai Province

FU Ying-kun^{1,2}, TIAN Xiao-li^{1,2}, LI Yi^{1,2}, LI Li^{1,2}

(1. Academy of Agriculture and Forestry, Qinghai University, Xining, Qinghai 810016; 2. Key Laboratory of Qinghai Vegetables Genetics and Physiology, Xining, Qinghai 810016)

Abstract: Taking 42 *Phytophthora capsici* collected from the different areas in Qinghai province as materials, the mating types of causal organism of pepper were inspected by direct pairing. The results showed that 14 of all causal organisms were found to be A1 mating type and the A2 mating type 26, the other was A0 mating type. Accounted for 33.3%, 61.9% and 4.8% of the total number of tested strains. No other mating type of *Phytophthora capsici* was found. *Phytophthora* mating type was not equilibrium distribution in Qinghai. The A2 mating type occupied a dominant position.
Keywords: *Phytophthora capsici*; mating type; distribution characteristics; Qinghai province