



王陈骄子, 贺晓霞, 杨 媚, 等. 水稻、玉米和小麦纹枯病菌对 3 种作物的交互致病性[J]. 华南农业大学学报, 2015, 36(6): 82-86.

水稻、玉米和小麦纹枯病菌对 3 种作物的交互致病性

王陈骄子[†], 贺晓霞[†], 杨 媚, 周而勋
(华南农业大学 农学院, 广东 广州 510642)

摘要:【目的】明确水稻、玉米和小麦纹枯病菌菌株对水稻、玉米和小麦的致病力差异。【方法】本研究选用水稻、玉米和小麦的纹枯病菌菌株各 20 株, 通过人工接种对这些菌株在水稻、玉米和小麦 3 种作物上的交互致病性进行了测定。【结果和结论】各供试纹枯病菌菌株都能单独侵染 3 种作物, 但它们对不同作物的致病力存在较大差异: 对原寄主的致病力较强, 而对其他 2 种供试寄主的致病力较弱。本研究结果为预防作物轮作和间作过程中的交互感染提供了重要的理论依据。

关键词: 丝核菌; 水稻; 玉米; 小麦; 交互致病性
中图分类号: S435.1 **文献标志码:** A **文章编号:** 1001-411X(2015)06-0082-05

Cross-pathogenicity of *Rhizoctonia* spp. from rice, maize and wheat on these three crops

WANG Chenjiaozi[†], HE Xiaoxia[†], YANG Mei, ZHOU Erxun
(College of Agriculture, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China)

Abstract:【Objective】To clarify the pathogenicity differences of *Rhizoctonia* spp. strains isolated from different crop hosts. 【Method】Twenty *R. solani* strains were isolated from rice, maize and wheat plants respectively. Their cross-pathogenicities of *R. cerealis* to rice, maize and wheat were determined by artificial inoculation. 【Result and conclusion】Each isolate of *R. solani* and *R. cerealis* was able to infect these three crops, but the virulences on different crops were quite different. It showed stronger virulence on the original host, while weaker virulence on other hosts. These findings provide an important theoretical basis for the prevention of cross-infection of different plant pathogens in the crop rotation and intercropping processes.

Key words: *Rhizoctonia* spp.; rice; maize; wheat; cross-pathogenicity

丝核菌 *Rhizoctonia* spp. 是一类重要的土传植物病原真菌, 其寄主范围非常广泛, 可引起水稻、玉米和小麦等禾谷类作物的纹枯病及许多其他植物的立枯病或根腐病^[1-3]。丝核菌种类丰富, 其中引起水稻和玉米纹枯病的病原菌为立枯丝核菌 *R. solani*, 而引起小麦纹枯病的病原菌为禾谷丝核菌 *R. cerea-*

lis。在自然界中, 2 种或多种丝核菌、或一种丝核菌的 2 个甚至多个融合群同时侵染同一种寄主的情况是比较普遍的, 然而不同种的丝核菌或同种丝核菌的不同菌株对不同植物的致病性存在差异^[3-4]。

随着高效农业的发展, 不同作物轮作和间作日渐频繁, 使得植物病原菌在同种作物和不同种作物

收稿日期: 2015-02-11 优先出版时间: 2015-10-16
优先出版网址: <http://www.cnki.net/kcms/detail/44.1110.s.20151016.1630.024.html>

作者简介: 王陈骄子 (1991—), 女, 硕士研究生, E-mail: 513425099@qq.com; 贺晓霞 (1984—), 女, 农艺师, 硕士, E-mail: 1083353468@qq.com; “†”表示对本文贡献相同; 通信作者: 周而勋 (1962—), 男, 教授, 博士, E-mail: exzhou@scau.edu.cn

基金项目: 公益性行业 (农业) 科研专项 (nyhyzx3-16)

间交互感染成为可能. 了解来自不同寄主的病原菌菌株能否侵染同一寄主植物,或不同寄主来源的菌株对同一寄主的致病力是否存在差异,对防范作物之间的交互感染具有重要意义. 李永娟等^[5]选取了河北省典型的丝核菌菌株进行了盆栽小麦、玉米相互接种的致病性测定,结果表明,不同类型的菌株间致病力强弱存在明显差异,且丝核菌对原寄主的致病力强. 杨根华等^[6]研究了云南省水稻纹枯病菌5个菌系对玉米、水稻和小麦的致病性,结果表明所选菌系对水稻、玉米和小麦的苗期及成株期的致病性均有显著差异. Thind 等^[7]研究了马铃薯黑痣病菌 *R. solani* 和水稻纹枯病菌 *R. solani* 对马铃薯和水稻的交互致病性,结果表明马铃薯黑痣病菌菌株对水稻无致病性,而水稻纹枯病菌菌株对马铃薯的致病力较强. You 等^[8]研究了澳大利亚地区立枯丝核菌菌株对豆科牧草和禾本科作物的交互致病性,结果显示从禾本科作物上分离到的纹枯菌株对豆科牧草的致病力差异显著. 黄江华等^[3]等研究了13种植物丝核菌 *Rhizoctonia* spp. 对水稻、甜玉米、黄瓜和甘蓝的交互致病性,结果表明不同融合群的丝核菌菌株的致病力差异明显. Silva-Barreto 等^[9]对藜、苋、假酸浆立枯丝核菌 AG-4 菌株进行了交互致病性测定,结果表明三者之间都具有交互致病性,并且除藜丝核菌 AG-4 菌株外,其余两者均对马铃薯具有致病性. Souza 等^[10]研究了巴西北部托坎廷斯州立枯丝核菌菌株对水稻和大豆的交互致病性,结果表明水稻丝核菌菌株对大豆以及大豆丝核菌菌株对水稻均具有显著致病性. Gaino 等^[11]测定了从巴西亚马逊流域的农作物上分离到的丝核菌与橡胶树丝核菌的交互致病性,结果表明供试丝核菌 AGs 菌系及 AG-R 菌系对橡胶树具有致病性,而且从橡胶树叶斑上分离到的丝核菌对其他农作物也具有致病性. Dubey 等^[12]研究了从印度不同地区不同豆科作物上分离到的7个丝核菌菌系的368个菌株对绿豆、黑绿豆、豇豆和鹰嘴豆的交互致病性,结果表明所选株系对四者致病性具有明显差异. Bueno 等^[13]研究了立枯丝核菌 AG-4 菌株对菊花和满天星的交互致病性,结果表明从菊花上分离到的丝核菌菌株 AG-4 对满天星具有明显致病性,而从满天星上分离到的丝核菌菌株 AG-4 对菊花也具有明显致病性. 然而,目前国内对外对立枯丝核菌交互致病性的报道虽多,但鲜见系统地研究水稻、玉米和小麦三者病原丝核菌之间的主要差异及引起病害的关系. 本研究将来源于水稻、玉米和小麦的纹枯病菌菌株对水稻、玉米和小麦进行人工接种试验,测定其交互致病性,从而为生产上丝核菌引起的植物病害的综合治理提供参考依据.

1 材料与方法

1.1 材料

供试的水稻纹枯病菌、玉米纹枯病菌和小麦纹枯病菌菌株各20株,共60株. 水稻菌株来源于广东和广西,玉米菌株来源于山东和四川,而小麦菌株来源于江苏和河南,详细情况见表1.

表1 供试纹枯病菌菌株

Tab.1 Tested isolates of *Rhizoctonia solani* & *R. hizoctonia cerealis*

菌株编号	来源	寄主	菌株编号	来源	寄主
B226	广东	水稻	M21	四川	玉米
B255	广东	水稻	M22	四川	玉米
B266	广东	水稻	M23	四川	玉米
B271	广东	水稻	M24	四川	玉米
B291	广东	水稻	M25	四川	玉米
B297	广东	水稻	M26	四川	玉米
B306	广东	水稻	M27	四川	玉米
B316	广东	水稻	M28	四川	玉米
B324	广东	水稻	M29	四川	玉米
B339	广东	水稻	M30	四川	玉米
D80	广西	水稻	W1	江苏	小麦
D93	广西	水稻	W2	江苏	小麦
D102	广西	水稻	W3	江苏	小麦
D110	广西	水稻	W4	江苏	小麦
D123	广西	水稻	W5	江苏	小麦
D137	广西	水稻	W6	江苏	小麦
D141	广西	水稻	W7	江苏	小麦
D150	广西	水稻	W8	江苏	小麦
D164	广西	水稻	W9	江苏	小麦
D180	广西	水稻	W10	江苏	小麦
M1	山东	玉米	W20	河南	小麦
M2	山东	玉米	W21	河南	小麦
M3	山东	玉米	W22	河南	小麦
M4	山东	玉米	W23	河南	小麦
M5	山东	玉米	W24	河南	小麦
M6	山东	玉米	W25	河南	小麦
M7	山东	玉米	W26	河南	小麦
M8	山东	玉米	W27	河南	小麦
M9	山东	玉米	W28	河南	小麦
M16	山东	玉米	W29	河南	小麦

供试水稻品种为扬州大学提供的抗病品种 YZS-BR1、中抗品种 Jasmine 85 和感病品种 Lemont (源自于美国得克萨斯州);供试玉米品种为四川农业科学院提供的中感品种川单13、中抗品种川单14 和广东农业科学院提供的甜玉米抗病品种丰田1号;供试小麦品种为江苏农业科学院提供的抗病品种 CI12633、中抗品种陕229 和感病品种豫麦49.

1.2 纹枯病菌对3种作物的交互致病性测定

1.2.1 接种试验 在温室育秧盘播种育苗. 水稻、玉米和小麦的种子经过浸泡和催芽后播种. 为了保证秧苗大小一致,可适当多播,然后间苗. 待每种作

物的秧苗长至“三叶一心”时期时,接种.

以水稻谷粒为培养基质培养水稻、小麦和玉米纹枯病菌,制备接种体. 先把 3 种纹枯病菌分别接种至 PDA 平板上,28 ℃ 培养 2 ~ 5 d,当菌落长满直径为 9 cm 的培养皿时,把浸泡 24 h 并经高压蒸汽灭菌 (121 ℃、20 min) 的水稻谷粒平铺到 3 种纹枯病菌的菌落上面,在 28 ℃ 黑暗条件下继续培养 7 d,待谷粒表面长满菌丝体即可用于接种.

接种时,在 3 种作物每株秧苗的基部两侧各放置 1 粒稻谷接种体,接种体需紧贴基部叶鞘,以保证发病. 接种后的作物秧苗保持在温度 28 ~ 30 ℃、相对湿度 85% 左右的温室内. 每个菌株接种水稻、玉米和小麦各 10 株,每个处理 3 次重复.

1.2.2 水稻纹枯病的病情调查及分级标准 接种 7 d 后调查发病情况. 采用王子斌等^[14]提出的以相对病斑高度为基础的 0 ~ 9 级病情评价体系:

相对病级 = [接种叶鞘 (倒 3 叶鞘) 及上方叶鞘上的连续病斑长度/倒 4 叶鞘叶枕至剑叶叶枕的高度] × 9.

根据发病情况,确定 3 种纹枯病菌各 20 个菌株对 3 个水稻品种的平均病害级别,比较 3 种纹枯病菌对水稻的致病力强弱.

1.2.3 玉米纹枯病的病情调查及分级标准 接种 7 d 后调查发病情况,采用杨世文等^[15]提出的病级标准,将病害分为 5 级.

0 级:全株无病;1 级:果穗下第 4 叶鞘及叶片发病;2 级:果穗下第 3 叶鞘及叶片发病;3 级:果穗下第 2 叶鞘及叶片发病;4 级:果穗下第 1 叶鞘及叶片发病;5 级:果穗及以上部位发病.

根据发病情况,确定 3 种纹枯病菌各 20 个菌株对 3 个玉米品种的平均病害级别,比较 3 种纹枯病菌对玉米的致病力强弱.

1.2.4 小麦纹枯病的病情调查及分级标准 在接种后 2 周调查发病情况,采用汪敏等^[16]提出的病级标准,将病害分为 9 级.

0 级:无症状;1 级:外层叶鞘有明显的纹枯病斑,但病斑环周小于 1/2;3 级:外层叶鞘有明显的纹枯病斑,但病斑环周大于 1/2;5 级:内层叶鞘有明显的纹枯病斑,但病斑环周小于 1/2;7 级:内层叶鞘有明显的纹枯病斑,病斑环周大于 1/2,但植株不死苗;9 级:植株死苗.

根据发病情况,确定 3 种纹枯病菌各 20 个菌株对 3 个小麦品种的平均病害级别,比较 3 种纹枯病菌对小麦的致病力强弱.

1.3 数据处理

试验数据采用 Excel 2010 软件进行处理;数据统计分析采用 SPSS 17.0 软件;显著性差异分析采用邓肯氏 (Duncan's) 新复极差法.

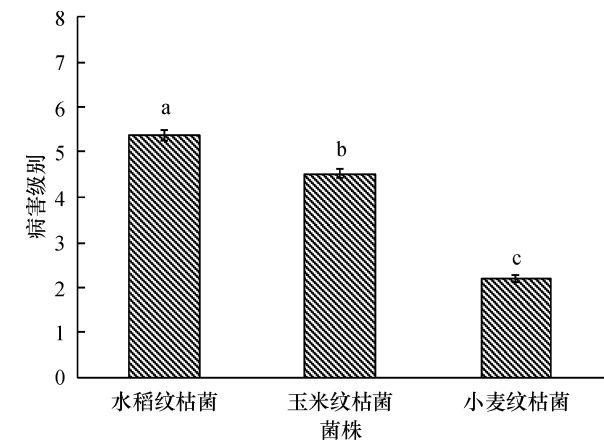
2 结果与分析

2.1 接种纹枯病菌 3 种寄主的症状表现

试验结果表明,供试的纹枯病菌菌株都能单独侵染水稻、玉米和小麦 3 种作物,但它们对不同作物的致病力存在较大差异. 3 种纹枯病菌接种原寄主时均展示出强的致病力,并表现出原病害的典型症状;水稻和玉米纹枯病菌菌株分别接种水稻和玉米时也表现出典型的纹枯病症状,而小麦纹枯病菌菌株接种水稻和玉米时产生小型云纹状病斑,病斑边缘深褐色,中央浅褐色;3 种纹枯病菌菌株接种小麦时表现相同的典型纹枯病症状.

2.2 纹枯病菌对水稻的交互致病性

根据 1.2.2 所述的病情调查及分级标准,3 种纹枯病菌菌株对水稻的致病性测定结果如图 1 所示. 从图 1 可看出:3 种纹枯病菌菌株对水稻均具有致病性,但其引致的病害级别 (致病力强弱) 表现出显著的差异. 20 个水稻纹枯病菌菌株对 3 个水稻品种 (YZSBR1, Jasmine85 和 Lemont) 的平均病级大于 5.0;20 个玉米纹枯病菌菌株对上述 3 个水稻品种的平均病级大于 4.0;而 20 个小麦纹枯病菌菌株对上述 3 个水稻品种的平均病级低于 2.0. 由此可见,水稻纹枯病菌菌株对其原寄主水稻的致病力最强,玉米纹枯病菌菌株对水稻的致病力居中,而小麦纹枯病菌菌株对水稻的致病力最弱.

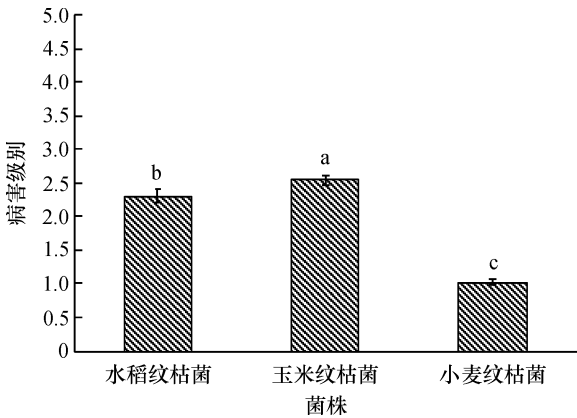


图柱凡具有一个相同字母者表示处理间差异不显著 ($P > 0.05$, Duncan's 法)

图 1 3 种作物纹枯病菌菌株对水稻的致病性
Fig. 1 The pathogenicity of *Rhizoctonia* spp. strains isolated from three crops to rice

2.3 纹枯病菌对玉米的交互致病性

根据 1.2.3 所述的病情调查及分级标准,3 种纹枯病菌菌株对玉米的致病性测定结果如图 2 所示.从图 2 可看出:3 种纹枯病菌菌株对玉米均具有致病性,但其引致的病害级别(致病力强弱)表现出一定的差异.20 个玉米纹枯病菌菌株对 3 个玉米品种(川单 13,川单 14 和丰田 1 号)的平均病级为 2.5;20 个水稻纹枯病菌菌株对上述 3 个玉米品种的平均病级为 2.3;而 20 个小麦纹枯病菌菌株对上述 3 个玉米品种的平均病级低于 1.0.由此可见,玉米纹枯病菌菌株对其原寄主玉米的致病力最强,水稻纹枯病菌菌株对玉米的致病力稍弱而居中,而小麦纹枯病菌菌株对玉米的致病力最弱.

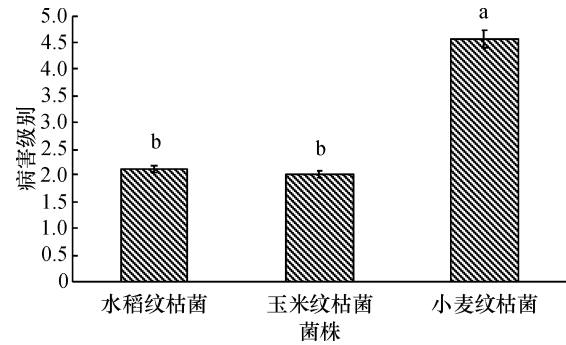


图柱中凡具有一个相同字母表示处理间差异不显著 ($P > 0.05$, Duncan's 法).

图 2 3 种作物纹枯病菌菌株对玉米的致病性
Fig. 2 The pathogenicity of isolates of *Rhizoctonia* spp. from three crops to maize

2.4 纹枯病菌对小麦的交互致病性

根据 1.2.4 所述的病情调查及分级标准,3 种纹枯病菌菌株对小麦的致病性测定结果如图3所示.



图柱凡具有一个相同字母表示处理间差异不显著 ($P > 0.05$, Duncan's 法).

图 3 3 种作物纹枯病菌菌株对小麦的致病性
Fig. 3 The pathogenicity of isolates of *Rhizoctonia* spp. from three crops to wheat

从图 3 可看出:3 种纹枯病菌菌株对小麦均具有致病性,但其引致的病害级别(致病力强弱)表现出相当大的差异.所有供试的水稻纹枯病菌菌株和玉米纹枯病菌菌株对 3 个小麦品种(CI12633,扬麦 229 和豫麦 49)的平均病级均低于 2.0;而 20 个小麦纹枯病菌菌株对上述 3 个小麦品种的平均病级接近 5.0.由此可见,水稻纹枯病菌菌株和玉米纹枯病菌菌株对小麦的致病力较弱且差异不显著,而小麦纹枯病菌菌株对其原寄主小麦的致病力最强.

3 结论与讨论

在农业生态系统中,作物轮作和间作是提高土地单位面积产量和防治病害的有效措施之一.但不同的植物病原菌对不同寄主植物的交互致病性给作物轮作和间作带来了一些不利影响.因此,植物病原菌交互致病性的研究对构建有效的植物病害防治体系具有重要的指导意义.颜思齐等^[17]研究了水稻、玉米、小麦纹枯病菌和棉花立枯病菌之间的关系,结果显示 4 种病菌都能侵染水稻、玉米和小麦,而小麦纹枯病菌不能侵染棉花,水稻和玉米纹枯病菌对棉花亦未表现出明显的致病性.夏正俊等^[18]在鉴定江苏省几种作物病原丝核菌所属种及菌丝融合群的基础上,对 6 种作物病原丝核菌菌株进行了人工交互接种试验,结果表明 6 种作物病原丝核菌对各自的原分离作物寄主均表现出强致病力.本研究通过水稻、玉米和小麦纹枯病菌各 20 个菌株对水稻、玉米和小麦各 3 个品种进行了接种,测定了其交互致病性.结果表明:各供试纹枯病菌菌株都能单独侵染 3 种供试作物,而各供试菌株对原寄主的致病力总体来说强于对其他寄主的致病力.根据试验数据,水稻纹枯病菌和玉米纹枯病菌的致病力虽存在差异,但两者差异不大,意味着水稻纹枯病菌和玉米纹枯病菌可以相互交叉感染,这可能与它们同属于立枯丝核菌有关,在作物轮作时应引起注意.而小麦纹枯病菌菌株对小麦的致病力明显地强于对水稻和玉米的致病力,前者与后两者的差异达到显著水平.另外,同一作物的 20 个菌株在接种同一寄主植物时,除小麦纹枯病菌 20 个菌株接种玉米时致病性差异较小外,其余均存在一定程度的差异.所以在接种试验中,设置了每个菌株分别接种 3 种作物的 10 株幼苗,每个处理 3 次重复,并以算术平均数来反映每个菌株的致病力.本研究采用作物苗期稻谷接种体接种法,虽然在供试菌株、供试作物品种和接种方法等方面与前人的研究不尽相同,但均得到了与前人相同或相似

的结论^[6, 17-18],从而也进一步证明了丝核菌属真菌寄主范围的广泛性以及利用作物轮作控制丝核菌病害的复杂性和艰巨性。

参考文献:

- [1] SNEH B, BURPEE L, OGOSHI A, et al. Identification of *Rhizoctonia* species [M]. St. Paul, Minnesota: APS Press, 1991.
- [2] 何迎春,高必达. 立枯丝核菌的生物防治[J]. 中国生物防治, 2000,16(1):31-34.
- [3] 黄江华,杨媚,周而勋,等. 13种植物丝核菌对水稻、甜玉米、黄瓜和甘蓝的交互致病性[J]. 华中农业大学学报, 2008,27(2):198-203.
- [4] CARLING D E, KUNINAGA S, BRAINARD K A. Hyphal anastomosis reactions, rDNA-internal transcribed spacer sequences, and virulence levels among subsets of *Rhizoctonia solani* anastomosis group-2 (AG-2) and AG-BI [J]. Phytopathology, 2002, 92(1): 43-50.
- [5] 李永娟,刘顺,朱杰华,等. 河北省小麦及玉米纹枯病菌生物学特性初步研究[J]. 中国农业科技导报, 2007,9(1):47-51.
- [6] 杨根华,董文汉,李梅,等. 云南省水稻纹枯病菌系研究[J]. 菌物系统, 2002,21(2):274-279.
- [7] THIND T S, AGGARWAL R. Characterization and pathogenic relationships of *Rhizoctonia solani* isolates in a potato-rice system and their sensitivity to fungicides [J]. J Phytopathol, 2008, 156(10): 615-621.
- [8] YOU M P, LANCASTER B, Sivasithamparam K, et al. Cross-pathogenicity of *Rhizoctonia solani* strains on pasture legumes in pasture-crop rotations [J]. Plant and Soil, 2008, 302(1/2): 203-211.
- [9] SILVA-BARRETO F A D, PEREIRA W V, CIAMPI M B, et al. *Rhizoctonia solani* anastomosis group 4 (AG-4 HG I and HG III) associated with weed species from a potato cropping area [J]. Summa Phytopathol, 2010, 36(2): 145-154.
- [10] SOUZA E C, KURAMAE E E, NAKATANI A K, et al. Cytomorphological, cultural, molecular and pathological characterization of *Rhizoctonia solani* Kühn associated with rice in Tocantins, Brazil [J]. Summa Phytopathol, 2007, 33(2): 129-136.
- [11] GAINO A P D S, BASSETO M A, GASPAROTTO L, et al. Phylogenetic inference reveals the complex etiology of the target and leaf spot diseases on rubber tree and other species cultivated in the Amazon [J]. Acta Sci-Agron, 2010, 32(3):385-395.
- [12] DUBEY S C, TRIPATHI A, UPADHYAY B K, et al. Pathogenic behavior of leguminous isolates of *Rhizoctonia solani* collected from different Indian agro-ecological regions [J]. Indian J Agr Sci, 2011, 81(10): 948-953.
- [13] BUENO C J, BETTIOL W, MESA E C, et al. Report of *Rhizoctonia solani* AG-4 HG I on chrysanthemum (white and yellow papyrus) and *R. solani* AG-4 HG III on gypsophila in the São Paulo State, Brazil, and their cross pathogenicity [J]. Summa Phytopathol, 2013, 39(4): 286-289.
- [14] 王子斌,左示敏,李刚,等. 水稻纹枯病几种田间病级调查标准的比较研究[J]. 扬州大学学报, 2009,30(4): 57-62.
- [15] 杨世文,刘永发,陈淑琼. 玉米纹枯病发生规律及测报技术的探讨[J]. 中国植保导刊,1992,12(4):3-5.
- [16] 汪敏,吕柏林,邢小萍,等. 河南省小麦纹枯病菌的群体组成及致病力分化研究[J]. 植物病理学报, 2011,41(5):556-560.
- [17] 颜思齐,吴帮承,唐显富,等. 禾谷类作物纹枯病研究: I:水稻、玉米、小麦纹枯病和棉花立枯病四者之间的关系[J]. 植物病理学报,1984,14(1):35-32.
- [18] 夏正俊,顾本康,李清铤. 江苏省几种作物丝核菌交互致病性的聚类分析[J]. 植物病理学报,1993,23(1): 25-30.

【责任编辑 霍 欢】