

# 根茎病害研究通讯

*Communications in Plant Root and Stem Diseases Research*

(2017 年第 2 期, 总第 26 期)

主办: 西南大学植物保护学院, 重庆烟草科学研究所

主编: 丁伟

2017 年 2 月 27 日

工作动态

## 丁伟教授参加国家烟草专卖局绿色防控重大专项 青岛技术座谈会

2 月 20-21 日, 国家烟草专卖局科技司和中国烟叶分公司在青岛举行了烟草绿色防控重大专项的实施方案论证座谈会, 全面推进烟草绿色防控工作的落地落实, 保障各烟叶产区绿色防控工作的顺利实施。根茎病害防控首席科学家丁伟教授参加了此次会议, 并就实施方案进行了汇报。

此次会议是烟草绿色防控重大专项启动与实施前的重要环节, 主要针对目前各省市开展绿色防控的进展以及存在的问题进行摸底, 同时对绿色防控重大专项在各省市的立项、资金配套等协调工作进行讨论, 此外 6 位首席科学家也分别对实施方案进行了详细的汇报。

会议期间, 国家烟草专卖局科技司王新中博士对重大专项的实施以及动员部署进行了详细的解读, 中国农科院烟草所张忠锋副所长参加了此次座谈会, 并对相关工作进行了安排, 烟草绿色防控重大专项首席专家中国农科院烟草所植物保护研究中心主任王凤龙研究员详细讲解了烟草绿色防控重大专项技术方案; 丁伟教授对根茎病害专项的实施方案进行了阐述。来自全国各烟叶主产区的 40 余位代表参加了此次会议。



图 1 烟草绿色生态防控重大专项座谈会



图 2 丁伟教授解读根茎病害实施方案

(李石力 供稿)

## 丁伟教授赴贵州考察并落实国家局重大专项相关工作

2017年2月17日，为推进落实国家局重大专项《基于拮抗菌剂的根茎病害绿色防控》的相关工作，丁伟教授携项目组成员蔡璘、江其朋赴贵州省遵义市与正安县烟草公司局长侯军进行相关工作对接。并前往正安县田间进行实地考察，选定了该重大专项在遵义市未来几年的示范与实验用地。同时，明确了项目参与方的职能，并对即将开展的播种育苗工作进行了相关安排。正安县烟草公司副经理王开宇和遵义市烟草公司技术中心韩小斌等陪同前往。

2017年，国家局启动《根茎病害绿色防控》重大专项，西南大学天然产物研究室牵头负责《基于拮抗菌剂的根茎病害绿色防控》的研究工作，贵州省遵义市烟草公司等多家单位共同参与，承担了烟草青枯病绿色生态防控技术研究与应用研究课题，重点攻关影响烟草青枯病发生的关键微生态因子、适用于田间的以拮抗菌为核心的微生态调控材料，以及适用于各地区的微生态调控技术体系。该重大项目的顺利实施开展，将使得我国根际病害绿色防控迈出关键而坚实的一步，为推动我国农业的可持续发展提供参考。



图3 丁伟教授与遵义市烟草公司领导交流



图4 丁伟教授在市坪乡田间进行考察

(江其朋 供稿)

## 丁伟教授一行赴四川广元对接项目工作

2017年2月24日，围绕中国烟草国家专卖局开展的烟草绿色生态防控重大战略专项，结合四川省烟草公司专卖局立项的《四川烟草根茎病害发生机制及绿色防控技术研究》，作为全国绿色防控重大专项首席专家之一的丁伟教授携课题组成员毕朝位副教授、研究生武霖通一同前往四川广元落实对接项目。四川省烟草公司烟草科学研究所、广元市公司、剑阁县公司主要领导一同前往。

针对四川广元根茎病害分布情况与发生特点，广元市公司将今年的烟草试验基地放在剑阁县双鱼村五组进行。项目组在省、市、县局协助下，首先到达双鱼村进行示范区以及试验小区的选取，并采集基础土样带回实验室分析其微生态结构。午时，工商研三家对项目如何

顺利实施落实的问题进行了细致全面的商议。丁伟教授简明扼要，给大家介绍了该项目的大背景是基于国家局绿色生态防控重大专项，核心以“三虫三病”为靶标在全国构建绿色生态防控体系，具有高度又有深度，是国家局又一大战略目标，以此来推动烟区的绿色、持续、稳定可持续发展。最后，工商研三家达成一致，明确各自分工，这为本项目的实施奠定了良好的基础。



图 5 对接项目讨论会



图 6 示范区土样采集

(武霖通 供稿)

## 研究进展

### *NtRNF217* 调控烟草对青枯病的抗性

西南大学天然产物农药研究室前期对感染青枯病的抗病品种 PVH2254 与感病品种云烟 87 烟草进行转录组测序，发现了大量与烟草抗青枯病相关的基因，即发病植株与对照之间的差异基因，其中功能注释为 E3 泛素连接酶的 *NtRNF217* 基因表达差异明显。为了探究该基因在烟草抗青枯病中的功能，构建了过表达植株并对其青枯病抗性进行评价。对构建的 16 个株系中 *NtRNF217* 的表达量进行定量检测，选择过表达程度较高的烟草株系 16 进行下一步实验（图 7）。室内盆栽实验对野生型与过表达植株接菌后的发病情况进行统计，发现 *NtRNF217* 过表达后发病较野生型烟草推迟 4 天，病情指数也极显著低于野生型植株（图 2A-B）。对灌根后 7 天内烟草根部青枯菌的定殖情况进行检测，结果显示过表达烟株根部青枯菌的数量极显著低于野生型烟株（图 8C）。

通过本实验，证明了烟草 *NtRNF217* 基因能正调控烟草对青枯病的抗性，但 *NtRNF217* 调控烟草抗病的机制还需进一步研究。

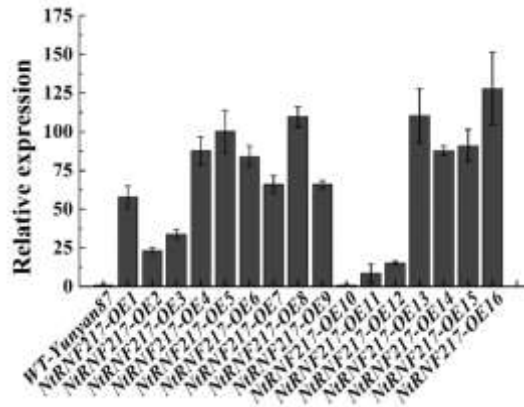


图 7 过表达植株中 *NiRNF217* 表达量的检测

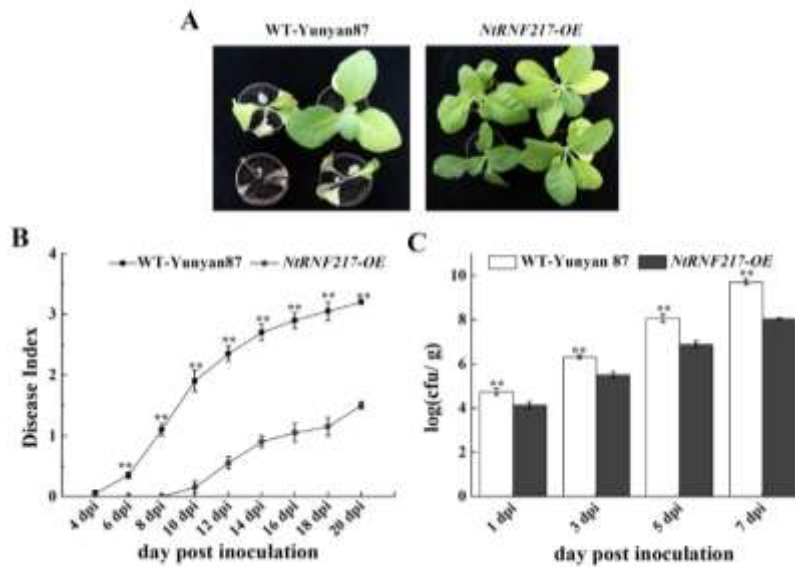


图 8 *NiRNF217* 过表达烟草对青枯病的抗性

注：(A) 接菌后 14 天的发病情况。(B) 野生型云烟 87 植株与 *NiRNF217* 过表达烟草接菌后病情调查。(C) 青枯菌在野生型云烟 87 与 *NiRNF217* 过表达烟草根部的定殖。

(唐元满 供稿)

知识窗

## 应用结构方程模型分析环境因子对土壤微生物群落结构的作用

土壤微生物群落结构及种群多样性在土壤质量演变过程中起关键作用，是土壤生态系统中预警土壤质量受损程度或恢复潜力的敏感指标。土壤微生物能迅速对外界环境做出反应，因此研究土壤微生物群落结构与环境之间的关系对找到改变微生物群落结构的关键主导因

子至关重要。在探讨它们之间关系的过程中，统计学方法起着非常重要的作用。结构方程模型（structural equation modeling；简称 SEM）属于多变量统计，它整合了因素分析（factor analysis）和路径分析（multivariate statistics）两种统计方法，同时检验模型中包含的显性变量、潜在变量、干扰或误差变量间的关系，进而获得自变量对依变量影响的直接效果、间接效果或总效果。

Fornell将主成分分析(principle component analysis, PCA)和聚类分析(cluster analysis, CA)等生态学家相对熟悉的多变量统计方法称为“第一代”多变量统计法，而将 SEM 称为“第二代”多变量统计法。二者存在 3 个重要区别： 1)“第一代”统计法主要是描述性的，侧重探索性的研究，“第二代”着重于确证性的检验； 2)传统多变量统计法在模型的估计上缺少灵活性； 3) SEM 能够同时分析系统内多个变量间的因果关系，并明确给出各关系的强度大小。因此上述区别是 SEM 的优势所在。

现已有学者应用 SEM 评估环境因子对土壤微生物群落结构的直接作用效果和间接作用效果。Maestre 等结合土壤微生物丰度和多样性和干旱及其它环境因子的相关关系来构建 SEM（图 9），结果表明干旱主要是通过显著影响土壤有机质来间接影响土壤真菌和细菌的丰度和多样性。为了在大的空间范围下比较非生物因素影响土壤微生物群落结构的程度大小，Hu 等收集了 50 个中国北方干旱和半干旱草原系统的土壤样本并根据 SEM 分析结果得出土壤有机质可以作为预测土壤微生物群落结构和丰度的主要环境因子。SEM 可以从复杂的现象中探讨农业措施组合与土壤微生态间的直接和间接关系，并在植物-土壤-微生物系统中找到指示土壤微生物群落结构的潜在环境因子。

到目前为止，相比于其他常规统计方法，采用 SEM 分析环境因子对土壤微生物群落结构的作用的研究还相对较少。我们根际微生态调控防治烟草青枯病实验室团队前期研究发现，烟草青枯病发病土和抑病土的土壤微生物群落结构显著不同，并筛选出指示烟草健康的微生物类群。今后我们可以利用 SEM 分析与烟草健康相关的微生物类群与环境因子间的因果关系，进而明确烟草青枯病发生的主导环境因子。

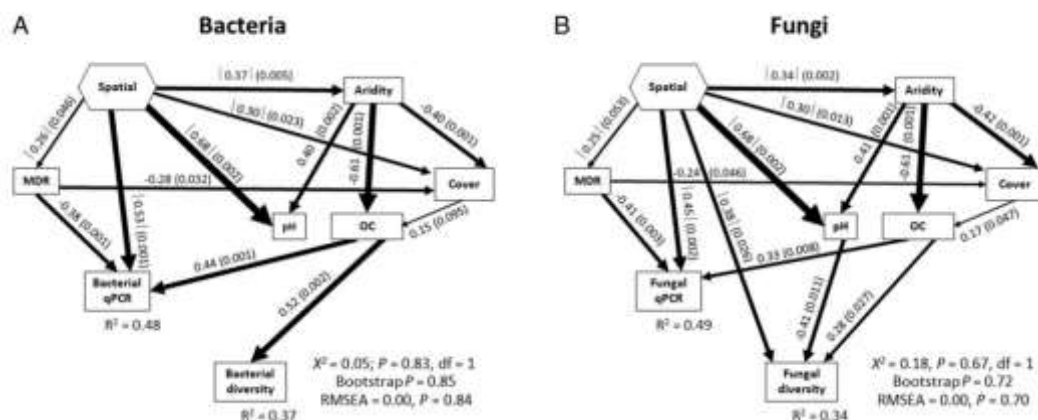


Figure 9 .SEMs fitted to the diversity and abundance of soil bacteria (A) and fungi (B).

（沈桂花 供稿）

## 最新主要参考文献

1. Kunwar S, Paret M L, Freeman J H, et al. Foliar applications of acibenzolar-S-methyl negatively affects the yield of grafted tomatoes in fields infested with *Ralstonia solanacearum*[J]. Plant Disease, 2017 (ja)
2. Erill I, Puigvert M, Legrand L, et al. Comparative analysis of *Ralstonia solanacearum* methylomes[J]. Frontiers in Plant Science, 2017, 8: 504.
3. Wu K, Su L, Fang Z, et al. Competitive use of root exudates by *Bacillus amyloliquefaciens* with *Ralstonia solanacearum* decreases the pathogenic population density and effectively controls tomato bacterial wilt[J]. Scientia Horticulturae, 2017, 218: 132-138.
4. Mori Y, Ishikawa S, Ohnishi H, et al. Involvement of ralfuranones in the quorum sensing signalling pathway and virulence of *Ralstonia solanacearum* strain OE1-1[J]. Molecular Plant Pathology, 2017.
5. Xie J H, Chai T T, Xu R, et al. Induction of defense-related enzymes in patchouli inoculated with virulent *Ralstonia solanacearum*[J]. Electronic Journal of Biotechnology, 2017.
6. Zhang C, Chen H, Cai T, et al. Overexpression of a novel peanut NBS - LRR gene AhRRS5 enhances disease resistance to *Ralstonia solanacearum* in tobacco[J]. Plant Biotechnology Journal, 2017, 15(1): 39-55.
7. Caldwell D, Kim B S, Iyer-Pascuzzi A S. *Ralstonia solanacearum* differentially colonizes roots of resistant and susceptible tomato plants[J]. Phytopathology, 2017 (ja).
8. Oliveira W S, Coelho I L, Oliveira J R S, et al. Biological control of the bacterial wilt *Ralstonia solanacearum* by bioprotector with fungi chitosan from *Cunninghamella elegans* on tomatoes[J]. African Journal of Agricultural Research, 2017, 12(1): 42-49.
9. Jayanna S K, Umesha S. Enhancement of the expression of defense genes in tomato against *Ralstonia solanacearum* by N-octanoyl-L-homoserine lactone[J]. African Journal of Microbiology Research, 2017, 11(5): 194-203.
10. 王丽丽, 周旭东, 李国安, 等. 番茄青枯病原菌拮抗菌株的筛选及其田间防控作用研究[J]. 植物保护, 2017, 1: 033.
11. Macagnan K L, Rodrigues A A, Alves M I, et al. Simplified recovery process of *Ralstonia solanacearum*-synthesized polyhydroxyalkanoates via chemical extraction complemented by liquid-liquid phase separation[J]. Química Nova, 2017, 40(2): 125-130.
12. 戴雅婷, 闫志坚, 解继红, 吴洪新, 徐林波, 侯向阳, 高丽, 崔艳伟. 基于高通量测序的两种植被恢复类型根际土壤细菌多样性研究[J]. 土壤学报, 2017, 54(3): 735-748.
13. Santiago T R, Lopes C A, Caetano - Anollés G, et al. Phylotype and sequevar variability of *Ralstonia solanacearum* in Brazil, an ancient centre of diversity of the pathogen[J]. Plant

Pathology, 2017, 66(3): 383-392.

14. 李想, 刘艳霞, 陆宁, 等. 综合生物防控烟草青枯病及其对土壤微生物群落结构的影响[J]. 土壤学报, 2017, 54(1).
15. 崔仕春, 唐小丽, 邱德文, 杨秀芬. 互作蛋白 Nbnrp1 参与真菌蛋白激发子 PevD1 诱导烟草抗病性的功能研究[J]. 植物病理学报, 2017, 47(1): 92-100.
16. Soman C, Li D, Wander M M, et al. Long-term fertilizer and crop-rotation treatments differentially affect soil bacterial community structure[J]. Plant & Soil, 2016:1-15.
17. Jiang Y, Li S, Li R, et al. Plant cultivars imprint the rhizosphere bacterial community composition and association networks[J]. Soil Biology & Biochemistry, 2017, 109:145-155.

(王姣 供稿)