

根茎病害研究通讯

Communications in Plant Root and Stem Diseases Research

(2017 年第 7 期, 总第 53 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 7 月 31 日

工作动态

根茎病害绿色生态防控项目组继续推进调研与取样

按照中国烟草总公司重大专项根茎病害绿色防控项目的总体要求, 继 5 月份完成江西、福建、广东、湖南, 6 月份完成广西、安徽等地的样品采集工作之后, 本月项目组继续推进全国烟区根茎病害的调研和取样工作, 完成了重庆、湖北、陕西以及湖南湘西州、四川泸州和宜宾的样品采集。同时, 项目组成员时刻关注烟草根茎病害的发生情况, 多次赴田间调研。

7 月 6 日-8 日, 项目组张永强副教授、陈娟妮老师和博士研究生刘颖一行前往四川泸州市古蔺县双沙镇、宜宾市兴文县大河乡、宜宾市筠连县维新镇进行调研, 并完成了两地的青枯病菌株与根际土壤样品的采集工作。从调研情况来看, 泸州地区为青枯病初发生阶段, 而宜宾地区青枯病发生严重。

7 月 7 日-8 日, 丁伟教授前往彭水润溪基地单元、小厂基地单元和武隆白马基地单元调研绿色防控示范区建设, 了解武陵山区烟草根茎病害发生情况。润溪基地单元烟草绿色防控示范区虽然烟草长势不齐, 但烟草青枯病暂时没有发生, 白马基地示范区烤烟长势均一, 根系健壮, 根茎病害如青枯病和黑胫病等也发生较少, 有效达到了绿色防控, 生态防控的目的。

7 月 9 日-11 日, 项目组成员硕士研究生李四光、江其朋带领本科实习生吴狄、刘俊彬、林中辉等人赴重庆武隆、彭水、黔江、巫山各地调研并采样。根据不同地区青枯病发生的情况, 完成了重庆彭水和黔江青枯病烟株和根际土壤样品的采集。

7 月 23 日-29 日, 项目组成员袁国明、刘志永及本科实习生程浩瑾、吴狄继续前往重庆、湖南、湖北、陕西主要植烟区调查当地青枯病发生情况, 并采集青枯病烟株以及发病烟株根际样品。此行完成了重庆市涪陵区、丰都县、石柱县、武隆县、酉阳县、奉节县, 湖南省湘西州龙山县、花垣县、凤凰县, 湖北省恩施州咸丰县、鹤峰县以及陕西省西乡县等 12 个地区的样品采集, 历时 10 余天, 共采集青枯病烟株 40 余份, 土壤样品 80 余份。

云南、贵州、四川等地的样品采集正在进行, 为建立全国最大的烟草青枯病菌菌株库和青

枯病发病与不发病的土壤微生态基本特征数据库而继续努力。



图 1 丁伟教授调研示范区长势



图 2 示范区整体长势



图 3 项目组采集样品

（张淑婷 整理）

研究进展

不同植物材料对土壤 pH、青枯菌的影响

大田实验研究发现,在烟草青枯病发病土壤中翻压绿肥植物材料可以降低烟草青枯病的发生,通过室内在土壤外源添加油菜、紫云英、黑麦草等植物材料进行孵育和连续取样试验,探索添加不同植物材料对土壤 pH、病原菌及土壤可培养微生物的影响,结果表明,空白对照的 pH 变化幅度不大。与空白对照相比,紫云英和黑麦草处理的 pH 呈现先升高后降低的趋势,油菜处理的 pH 呈现一直降低的趋势。有文献研究表明植物材料添加到土壤后的最初 pH 取决于植物材料的碱度(图 4)。随后,土壤 pH 的变化是土壤微生物利用植物材料中可降解的碳源而发生的一系列新陈代谢的结果。

通过检测青枯菌在土壤中的动态变化结果表明,空白对照中土壤青枯菌数量先逐渐降低,第十天后青枯菌数量稳定不变。从整体上看,黑麦草处理后土壤青枯菌数量随着时间的增加先降低后增加,而油菜和紫云英处理后土壤青枯菌数量先增加后降低。培养结束时,黑麦草处理后青枯菌数量最高,空白对照的青枯菌的数量最低(图 5)。青枯菌是富营养细菌,可以利用植物材料中可降解的物质快速繁殖。同时,土壤中也存在不同种类的富营养细菌,它们

可以与青枯菌同时竞争土壤中可利用的碳源。那在这个过程中，究竟是青枯菌占主导地位还是其他细菌占主导地位，我们在此不得而知。因此，后面的工作将进一步通过盆栽验证不同植物材料处理对烟草青枯病的影响，进一步说明在植物材料添加到土壤中是如何影响青枯菌及其它微生物的生长。

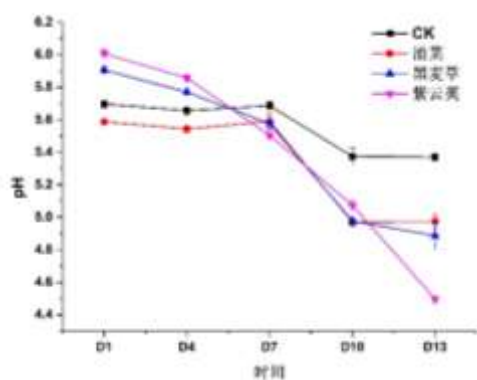


图 4 不同植物材料对土壤 pH 的影响

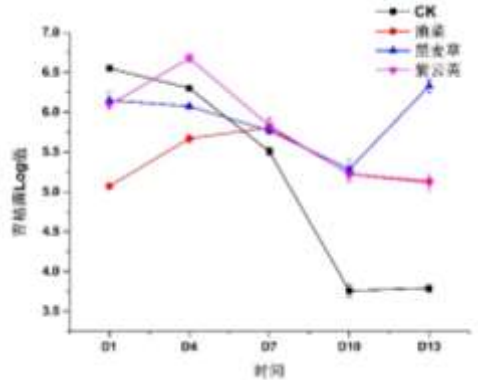


图 5 不同植物材料对土壤中青枯菌的影响

(沈桂花 供稿)

知识窗

植物根际的有益互作

根际是指紧密包裹植物根系表面土壤区域，植物与土壤有机体的互作就发生在根际。植物与土壤微生物有机体的互作可能产生诸对植物有益的结果，包括提升营养有效性和吸收能力，抵抗害虫和病原物的危害，提高植物对非生物逆境的耐受力以及通过激素调节促进植物生长。植物和微生物之间的互作关系决定了植物生长和竞争力。我们总结了一些对植物有益的根际真菌和根际细菌，即植物促生细菌、菌根真菌和其他有益真菌。主要目的是总结目前有关于植物—微生物互作潜在机制的理论知识，讨论物种密度和多样性在微生物和植物中扮演的角色。

1 植物促生类根际微生物

植物促生根际微生物（PGPR）的发现要追溯到 19 世纪末根内固氮菌的发现，随后的 100 年时间里，几种胞外的植物促生微生物相继被发现。这里我们只关注与根有关的植物促生微生物，很多植物促生微生物在根表被发现，但同时大量的 PGPR 也存在于根内，例如内寄生细菌放线菌门（*Actinobacteria*）、链霉菌门（*Streptomyces*）、拟杆菌门（*Bacteroidetes*）、*Pedobacter*、厚壁菌门（*Firmicutes*）、*Bacillus*、变形菌门（*Proteobacteria*）、绿脓杆菌门（*Pseudomonas*）和根瘤菌门（*Rhizobium*）等是包含最多知名植物促生菌的门。对植物的促生作用研究主要集中在农作物上，以拟南芥（*Arabidopsis*）作为模式植物展开研究。筛选植物促生菌时需考虑以下两点，首先，植物促生菌能在植物根部定殖以便能筛选出与定殖有关

的特征。同时，植物促生菌在使用时应对人类无害。大多数的筛选是在试管中通过测定单一菌株的多项活力指标完成的。这些活力指标包括产生激素、与吸收营养有关酶、载铁细胞、可抑制病原物类化合物的能力。受实际因素制约，促生菌筛选都是对单一菌株的筛选，因此被忽略的物种间的互作关系有可能会影响到生物防治效果。

2 菌根真菌和植物保护

菌根共生体被视作陆地生态系统的重要组成部分。大约有 80% 的陆地植物物种都有菌根。寄主植物的分类学地位和菌根真菌类型共同决定了菌根共生体的类型。丛枝菌根真菌（AM）和外生菌根真菌（EM）是自然生态系统具有代表意义的两类菌根集合体。菌根真菌可以保护植物免受病原菌的侵害。多种菌根真菌保护植物的机制被提出，其中包括引起寄主植物和根际环境的改变等。丛枝菌根真菌可以调节根系分泌物，使得植物病原菌烟草疫霉的游动孢子会根据根龄被吸引或者排斥。番茄菌根的根系分泌物可以使线虫暂时麻痹，降低线虫穿刺进入菌根根系概率。丛枝菌根真菌调节导致的土壤微生物群落的改变也可以促进生防细菌在根际发挥作用。基于此，Li 等发现来自类芽孢杆菌属的与菌根集合体有关的细菌表现出对黄瓜腐霉菌的生防效应。

现存大量关于植物促生菌潜在作用机制的理论，但在实际自然环境的情况仍不清楚。生态学理论需要和生理学知识相对应，以便能在自然生态系统中认清菌根真菌的角色，或者提升植物促生菌的作用效果。应用植物促生菌的研究从群落的角度来看可能是有益的，即在自然系统中通过研究植物与土壤的反馈，能进一步明确植物与土壤互作黑箱中植物促生菌的位置。随着科技的进步，分子生物学和同位素标记技术的发展让我们能更迅速的明确单一物种对群落功能的贡献。在应用方面，我们是向一体化发展，激活根际中自然有益有机体？还是利用先前共生生物的理想基因改造种植物种？这将是一个很有趣的事。植物与微生物之间是关系究竟是互利共生关系还是寄生关系，还值得去进一步论证。

（江其朋 供稿）

最新主要参考文献

1. Mao L, Jiang H, Wang Q, et al. Efficacy of soil fumigation with dazomet for controlling ginger bacterial wilt (*Ralstonia solanacearum*) in China[J]. Crop Protection, 2017, 100:111-116.
2. Wang L, Wang B, Zhao G, et al. Genetic and Pathogenic Diversity of *Ralstonia solanacearum*, Causing Potato Brown Rot in China[J]. American Journal of Potato Research, 2017(4):1-14.
3. Macagnan K L, Alves M I, Rodrigues A Á, et al. Complete factorial design to adjust pH and sugar concentrations in the inoculum phase of *Ralstonia solanacearum* to optimize P (3HB) production[J]. Plos One, 2017, 12(7):e0180563.
4. Du, Geng, Wang, Zhang, He, Hou, Wang. Variations in bacterial and fungal communities

- through soil depth profiles in a *Betula albosinensis* forest [J]. Journal of microbiology (Seoul, Korea), 2017, 55(9) 684-693
5. Narendrakotha R, Nkongolo K K. Microbial Response to Soil Liming of Damaged Ecosystems Revealed by Pyrosequencing and Phospholipid Fatty Acid Analyses[J]. Plos One, 2017, 12(1):e0168497.
 6. Salgon, Jourda, Sauvage, et al. Dintinger Eggplant Resistance to the *Ralstonia solanacearum* Species Complex Involves Both Broad-Spectrum and Strain-Specific Quantitative Trait Loci [J]. Frontiers in plant science, 2017,8: 828
 7. Gutarra L, Herrera J, Fernandez E, et al. Diversity, Pathogenicity, and Current Occurrence of Bacterial Wilt Bacterium *Ralstonia solanacearum* in Peru.[J]. Frontiers in Plant Science, 2017, 8.
 8. Puigvert M, Guarischisousa R, Zuluaga P, et al. Transcriptomes of *Ralstonia solanacearum* during Root Colonization of *Solanum commersonii*. [J]. Frontiers in Plant Science, 2017, 8:370.
 9. Schandry, Niklas. A Practical Guide to Visualization and Statistical Analysis of *R. solanacearum* Infection Data Using R [J]. Frontiers in Plant Science, 2017, 8.
 10. Álvarez B, Biosca E G. Bacteriophage-Based Bacterial Wilt Biocontrol for an Environmentally Sustainable Agriculture [J]. Frontiers in Plant Science, 2017, 8.
 11. Zhang Y, Shen H, He X, et al. Fertilization Shapes Bacterial Community Structure by Alteration of Soil pH [J]. Frontiers in Microbiology, 2017, 8:1325.
 12. Lynn T M, Liu Q, Hu Y, et al. Influence of land use on bacterial and archaeal diversity and community structures in three natural ecosystems and one agricultural soil [J]. Archives of Microbiology, 2017, 199(5):1-11.
 13. Bamola V D, Ghosh A, Kapardar R K, et al. Gut microbial diversity in health and disease: experience of healthy Indian subjects, and colon carcinoma and inflammatory bowel disease patients [J]. Microbial Ecology in Health & Disease, 2017, 28(1).
 14. 牛桂言, 邵惠芳, 朱金峰,等. 我国植烟土壤修复的研究进展[J]. 中国农业科技导报, 2017, 19(3):115-122.
 15. 吴宇佳, 谢良商, 张冬明,等. 西瓜连作对热区土壤微生物多样性的影响[J]. 生态环境学报, 2017, 26(5):778-784.
 16. 11、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):216-226.

(刘烈花 供稿)