



会议论文集

2023 年全国热带作物学术年会
CHINA TROPICAL CROPS ANNUAL MEETING 2023

特色產業 振興鄉村



参展赞助单位



目 录

1. <i>OsABT</i> 基因在水稻苗期根系耐盐进程中的作用机制	1
2. 菠萝全基因组 SNP 标记的开发及指纹图谱构建	2
3. 基于 PCR 检测黄龙病菌在寄主体内含量动态变化研究	3
4. 芒果病程相关蛋白 <i>MiPRI</i> 基因家族鉴定和 <i>MiPRIA</i> 基因功能分析	14
5. A sugarcane smut fungus effector simulates the host endogenous elicitor peptide to suppress plant immunity	15
6. 油莎豆油体蛋白基因的全基因组鉴定与功能解析	30
7. 热区植原体遗传多样性与其病害传播流行关系研究	31
8. 热区棕榈作物植原体病害检测技术研发与应用	32
9. 孕穗期喷施外源硒对水稻产量和糙米硒含量的影响	33
10. 广藿香组织培养工厂化育苗技术研究	34
11. 旋切式电动割胶刀在茂名植胶区试验初报	35
12. The rotary cutting electric rubber tapping knife was first reported in the rubber planting area of Maoming	35
13. 乙烯利对五个菠萝品种成花及品质的影响	37
14. 生物有机配方肥连续替代化肥对剑麻生长、土壤质量的影响	38
15. 基于 2021-2022 年粤西蔗区甘蔗主要病虫害监测数据的分析及综合防治探索	46
16. Analysis and Integrated Pest Management Exploration Based on the Monitoring Data of Major Pests and Diseases in the Western Guangdong Sugarcane Region from 2021 to 2022	46
17. 不同光质 LED 补光对火龙果激素含量的影响	47
18. 湛江蔗区螟虫动态监测	48
19. 基于国内剑麻产业形势视角下分析探讨广东垦区剑麻产业发展新路径	49

20. 火炬农场剑麻产业发展问题与对策探讨	55
21. 湛江农垦品牌现状分析与建设思考	59
22. 湛江农垦橡胶产业现状及思考	67
23. 发展橡胶产业助力乡村振兴的有效举措	73
24. 剑麻化肥农药减施增效生产技术应用报告	76
25. 生物有机配方肥连续替代化肥对剑麻生长、土壤质量的影响	79
26. 红江橙黄化树种类调查及防控措施	80
27. 探讨广东农垦培育发展甘薯产业的意义及建议	85
28. 胶园套种岗梅高效栽培技术研究	87
29. 云南德宏石斛产业发展现状调查报告	90
30. 孕穗期喷施外源硒对水稻产量和糙米硒含量的影响	97
31. 农作物重要农业性状表型鉴定无损检测方法	104
32. 广东农垦剑麻产业发展历程、瓶颈与建议	105
33. 50 份芒果材料对细菌性黑斑病和坏死病的抗性评价	110
34. 核磁共振技术在油棕的研究应用	112
35. 柑橘黑点病研究进展	113
36. 广西芒果主要细菌性病害病原菌鉴定、药剂敏感性测定及抗病材料筛选	125
37. 广东农垦培育发展甘薯产业的意义及建议	140
38. 李树叶部真菌性病害病原鉴定及快速检测技术研究	142
39. 热区菠萝施肥管理研究及其生态效益评价	143
40. 热区植原体遗传多样性与其病害传播流行关系研究	144
41. 香蕉枯萎病菌的遗传进化及分子检测研究	145
42. 湛江蔗区螟虫动态监测	146
43. 应用 SSR 和 InDel 标记鉴定槟榔杂交子代的真实性	147
44. 蔬菜害虫轻简化绿色防控技术	148

OsABT 基因在水稻苗期根系耐盐进程中的作用机制

闻丹妮, 鲍聆然, 沈怡, 沈波*

杭州师范大学生命与环境科学学院, 浙江杭州 311121

E-mail: bshen65@163.com

摘要: 水稻是重要的粮食作物, 提高水稻产量和扩大水稻种植面积对确保世界粮食安全具有举足轻重的作用。盐胁迫是影响水稻产量的主要因素之一, 因此, 开展水稻耐盐机制的基础研究具有重要理论和应用意义。含 WD40 重复序列的蛋白在真核生物的发育和环境适应中起着重要作用, 课题组前期运用生物信息学和同源克隆的方法, 在水稻中找到了一个编码 WD40 重复蛋白的基因 *OsABT*(*Oryza sativa* L.ABA Signaling Terminator), 过表达 *OsABT* 的水稻在幼苗发育过程中对盐胁迫的耐受性显著增强, 但 *OsABT* 如何参与水稻耐盐的尚未可知。本试验以日本晴和 *OsABT* 过表达水稻为材料, 对盐处理的根系进行根系活力、相对电导率、丙二醛 (MDA)、 H_2O_2 、 $O_2^{\cdot-}$ 和钠钾离子含量等相关生理指标的测定; 利用转录组分析以及 qRT-PCR 分析, 找到 *OsABT* 基因可能参与的代谢及信号转导途径; 利用酵母双杂交等实验查找可能与 *OsABT* 互作的蛋白, 探究 *OsABT* 基因在水稻苗期耐盐中的作用机理。研究结果显示, 与日本晴相比, *OsABT* 过表达水稻表现出更强的耐盐性, *OsABT* 过表达水稻株系根系中的相对电导率、MDA 含量、 H_2O_2 含量、 $O_2^{\cdot-}$ 含量均显著或极显著低于日本晴, 根系活力和 K^+/Na^+ 显著高于日本晴; 转录组数据显示, 日本晴和 *OsABT* 过表达水稻在未盐胁迫和盐胁迫 12h、24h、48h 分别有 1950、1646、3499 和 1522 个差异表达基因。这些差异表达基因主要富集在盐胁迫响应、脱落酸响应和转录调控等 GO 条目中, 富集的重要代谢通路主要是植物激素信号转导、植物 MAPK 信号转导途径和苯丙烷生物合成、类黄酮生物合成相关的次生代谢途径等; 通过 qRT-PCR 结果发现, 与日本晴相比, *OsABT* 过表达水稻根系中 ABA 合成相关基因 *OsNCED3*、*OsNCED4* 的表达量显著下调, 而 ABA 分解代谢基因 *OsABA8ox2* 的表达量显著升高, 同时 ABA 信号转导相关基因 *OsPYLs*、*OsABIL2*, 盐胁迫响应相关基因 *OsRab16A*、*OsLEA3*、*OsHAK5* 和 *OsSOS1* 等均有显著差异表达; 此外, 酵母双杂实验发现 *OsABT* 与 *OsABIL2*、*OsPYL4* 和 *OsPYL10* 存在相互作用。综上, *OsABT* 可以通过 SOS 通路减少根系 Na^+ 内流, 减轻盐胁迫对水稻产生的离子毒害; *OsABT* 蛋白与 *OsABIL2*、*OsPYL4* 和 *OsPYL10* 蛋白相互作用, 说明 *OsABT* 通过影响 ABA 信号途径参与调控 *OsRab16A*、*OsLEA3* 等逆境相关基因的表达来提高苗期水稻的耐盐性。

关键词: 水稻; 根系; 盐胁迫; ABA; 转录组分析

菠萝全基因组 SNP 标记的开发及指纹图谱构建

贾盼盼^{1,2}, 林文秋¹, 刘胜辉¹, 孙伟生¹, 吴青松^{1*}

1.中国热带农业科学院南亚热带作物研究所, 广东湛江 524088; 2.华中农业大学园艺林学学院, 湖北武汉 430070

摘要: 针对菠萝种质资源存在本底不清、同名异物或同物异名等问题, 本研究以 179 份菠萝种质为材料, 根据重测序数据的 SNP 位点信息设计引物, 开发分子标记, 构建菠萝种质的指纹图谱。结果表明在菠萝 25 个连锁群上共有 171 个 SNP 标记分型成功, 转化率为 34.2%, 缺失率为 0.05, 平均 MAF 为 0.38, 平均基因多样性为 0.45, 平均 PIC 为 0.35。进一步基于次要等位基因频率大于 0.40, 多态性信息含量大于 0.37, 缺失率小于 0.03, 杂合率小于 0.5 等参数, 筛选出 23 个具有代表性的核心 SNP 分子标记, 构建菠萝种质资源的指纹图谱。聚类分析结果显示, 179 份种质可分为 4 大类, 并能将同名异物或同物异名的种质区分。SNP 标记的开发为菠萝种质资源的鉴定和鉴别, 遗传图谱构建以及基因定位及分子标记辅助育种等提供研究基础。

关键词: 菠萝; 种质资源; SNP; 遗传多样性; 指纹图谱

基于 PCR 检测黄龙病菌在寄主体内含量动态变化研究

王盼^{1,1}

1. 广东农垦热带作物科学研究所, 广东茂名 525000

摘要: 柑橘黄龙病 (Citrus Huanglongbing, HLB) 是危害柑橘最严重的一种病害, 严重影响了柑橘产业的发展。砂糖橘 (Citrus reticulata cv. Shatangju) 作为广东柑橘主要栽培品种之一, 长期受到黄龙病为害, 造成了巨大的经济损失, 砂糖橘黄龙病病原菌为亚洲韧皮杆菌 (*Candidatus Liberibacter asiaticus*, CLas)。本研究应用实时荧光定量 TaqMan qPCR 技术跟踪检测黄龙病砂糖橘叶内病菌含量的周年动态变化, 明确黄龙病菌的消长规律, 比较分析砂糖橘病株梢期和果实成熟期 5 个不同发育阶段黄龙病菌含量的变化情况, 结果发现: 一年内不同月份平均黄龙病菌含量: 4 月 < 5 月 < 6 月 < 3 月 < 2 月 < 7 月 < 8 月 < 1 月 < 9 月 < 10 月 < 11 月 < 12 月; 全年每克组织黄龙病菌平均含量在 $2.28 \times 10^7 \sim 4.85 \times 10^8$ 拷贝之间, 4-6 月病菌量出现低峰, 7 月-12 月病菌量呈现增长趋势, 并在 12 月份达到增长高峰。不同发育时期发病株组织内的平均黄龙病菌含量: 春梢期 < 夏梢期 < 果实成熟期 < 秋梢期 < 冬梢期。

关键词: 砂糖橘; 黄龙病菌; TaqMan qPCR; 动态变化

Study on the dynamics of Huanglongbing bacterial content in hosts based on PCR detection

WANG Pan^{1,1}

1. Guangdong Nongken Tropical Crops Scientific Research Institute, Maoming, Guangdong 525000, China

Abstract: The citrus Huanglongbing (HLB), caused by phloem-limited bacteria *Candidatus Liberibacter asiaticus* (CLas), is one of the most devastating diseases that seriously jeopardizes the development of citrus industry. On *Citrus reticulata* cv. Shatangju, a main cultivar of citrus in Guangdong province, China, the long-term damaging by HLB has resulted in huge economic losses. In this study, the annual dynamics of CLas content in the leaves of HLB-affected Shatangju was explored via TaqMan qPCR-based analyses, where the variation of pathogen contents in five growing periods of the diseased plants was studied. The results obtained in this study are as follows: The average CLas content in leaf tissues of infected Shatangju, ranging from 2.28×10^7 to 4.85×10^8 copies per gram of tissue, varied in different months during a year, in a pattern of April < May < June < March < February < July < August < January < September < October < November < December, i.e., a low peak in April followed by a steady rising which lasted through December to the climax. Besides, the average CLas content in infected plants exhibited an increasing trend in the five sequential growing stages: spring sprouting, summer sprouting, fruit ripening, autumn sprouting, and winter sprouting periods.

Keywords: Shatangju; CLas; TaqMan qPCR; dynamic change

柑橘是世界上种植十分广泛的一种作物, 我国的柑橘属 (*Citrus* L.) 品种大概有 20 种左右, 我国是世界上第一柑橘生产大国, 全国大约有 1000 个市县区有种植柑橘的记录, 其中主要集中种植区是广东和广西等地区。柑橘是主要分布在热带、亚热带地区的多年生常绿果树, 是一种非常重要的商品水果。柑橘果实汁液中含有丰富的具有抗氧化活性的类黄酮和可作为芳香剂使用的单萜类化合物, 具有巨大的经济和药用价值^[1-2]。世界上有 140 个国家和地区生产柑橘, 中国的柑橘种植面积和产量在 200 但柑橘种植地多数处于亚热带气候, 受病虫害影响较为严重, 其中柑橘黄龙病 (Citrus Huanglongbing,

作者简介 王盼 (1998—), 女, 硕士研究生, 研究方向: 植物病害综合防控。

简称 HLB) 是迄今为止整个柑橘产业所面临的最为复杂严重的一种灾害。此病害传播速度快, 且不易预防, 一旦被感染, 整个果园都会受到影响。柑橘黄龙病在我国最早于 20 世纪 90 年代初期在广东潮汕发现, 柑橘叶片出现典型斑驳、黄化等, 症状与黄龙病类似^[3]。柑橘属植物的所有栽培品种几乎都能够感染黄龙病, 例如常见的桔类、橙类和柚类等, 很少有品种能表现出对黄龙病的耐受性, 且在整个生长发育周期植株均能够被黄龙病为害^[4]。

柑橘一年中随气候周期性变化, 可抽生 3-4 次枝梢, 即春梢、夏梢、秋梢和冬梢。春梢 2-4 月抽生, 是一年中数量最多的枝梢, 春梢发育好坏, 影响着当年产量。夏梢 5-7 月陆续零星抽生, 长势不一, 抽梢时与幼果争夺养分, 常加剧生理落果, 故除幼树利用扩大、填补树冠外, 生产上多抹除。秋梢 8-10 月分批抽生, 幼龄树及初结果树, 秋梢抽发数量较多。栽培中常采用抹除夏芽, 促放秋梢的措施, 以增加翌年开花结果数量。在冬季温暖的地区和年份, 11 月前后能抽生冬梢, 数量少, 较零星, 不易老熟, 低温时常受冻害^[5]。本研究利用实时荧光定量 TaqMan qPCR 技术跟踪检测同一地理区域内感病砂糖橘叶内黄龙病菌含量的周年动态变化, 明确黄龙病菌的消长规律, 比较分析砂糖橘病株梢期和果实成熟期 5 个不同发育阶段黄龙病菌含量的变化情况, 以期为微生物源农药防控砂糖橘黄龙病指导施药最佳时间, 为确定砂糖橘果园田间黄龙病普查最佳时期提供参考依据。

1 材料与方法

1.1 实验材料

1.1.1 供试植株

供试品种为砂糖橘, 分别来自 4 个果园, 每个果园按五点取样法选取 10 株带菌植株作为供试植株, 病株均至少感染黄龙病 3 年。

试验地点: 2020 年 1 月至 2020 年 12 月在广东省广州市白云区雄伟村进行。

1.1.3 主要试剂和试剂盒

EasyPure® Plant Genomic DNA Kit: 北京全式金生物技术有限公司; PerfectStart® II Probe qPCR SuperMix UDG: 北京全式金生物技术有限公司; 特异性引物: 生工生物工程股份有限公司合成; 2×Taq PCR Master Mix: 生工生物工程股份有限公司; D2000 DNA Marker: 生工生物工程股份有限公司; FastPure® Gel DNA Extraction Mini Kit: 诺唯赞生物科技有限公司; pMD™18-T Vector Cloning Kit: TAKARA; 快速感受态细胞制备试剂盒(一步法): 生工生物工程股份有限公司; SanPrep 柱式质粒 DNA 小量抽提试剂盒: 生工生物工程股份有限公司。

1.1.4 主要试验仪器

qTOWER3 qPCR 仪: 德国 Jena 公司; 移液枪: 德国 Eppendorf 公司; PowerPac Basic 电泳仪: 美国 Bio-rad 公司; T100 Thermal Cycler PCR 仪: 美国 Bio-rad 公司; Centrifuge 5425 离心机: 德国 Eppendorf 公司; Gel Doc XR+自动凝胶成像系统: 美国 Bio-rad 公司; IMPLÉN 微量分光光度计: 德国 IMPLÉN 公司; FastPrep-24 组织匀浆器: 美国 MP; Accu Therm 恒温金属水浴锅: 莱伯特公司。

1.2 方法

1.2.1 试验设计

针对柑橘上的重要病害柑橘黄龙病, 选定广东省广州市白云区钟落潭镇雄伟村的 4 个果园作为试验地, 果园种植品种为 5 年生砂糖橘。采集每个果园疑似感病植株的叶片, 通过 PCR 对采集的柑橘叶片样本进行定性检测, 将健康与感病样品分类后, 每个果园按五点采样法选择 10 株感病砂糖橘植株确定为试验株, 本次试验植株总计 40 株。本实验于 2020 年度果实成熟期(1 月 16 日)、春梢期(2 月 15 日、3 月 14 日、4 月 12 日), 夏梢期(5 月 13 日、6 月 14 日、7 月 15 日), 秋梢期(8 月 13 日、9 月 14 日、10 月 16 日)以及冬梢期(11 月 15 日、12 月 16 日)采集植株病样。提取叶片总 DNA, 用

TaqMan qPCR 荧光定量检测技术进行检测，根据得到的 CT 值绝对定量标曲，计算样品黄龙病菌含量的动态变化情况，各样品数据为 3 个重复的平均值，探索感病砂糖橘黄龙病菌在梢期和果实成熟期 5 个不同发育阶段的动态变化规律。

1.2.2 砂糖橘黄龙病与病菌含量的检测

1.2.2.1 采样与预处理

田间采样部位及方法：每株树采样时先把树冠分为东南西北中 5 个方位，每个方位分别随机采集 3-4 片老叶和嫩叶，每棵树总共采集 15-20 片叶子混合作为一个样本。采完的样品运回实验室立即处理或则将样品放入 4℃ 冰箱，为了保证叶片的湿度，在自封袋内放入加灭菌水的纸团，可延长其保存时间。

实验室处理：实验样品的处理在洁净无污染的环境下进行，将单株植株所有叶片样品用无菌水洗净并擦拭干净，之后用剪刀切取叶中脉偏上部位^[6]，处理前后剪刀应用酒精消毒，之后将样品剪至 1 cm 左右，混合，装入研磨管中进行后续 DNA 提取，处理好的叶片研磨样品可以立即进入后续实验，剩余叶片放入 -20℃ 冰箱，冷冻保存，待需要时可重新研磨取样。

1.2.2.2 叶样品的 DNA 提取

对叶样品的 DNA 提取，使用 Plant Genomic DNA Kit 试剂盒，操作如下：

- (1) 将预处理中提取出的叶片中脉 100 mg 进行碾磨；
- (2) 将磨碎的样品放入容量为 2 mL 试管中，加入 500 μL 重悬缓冲液 (Resuspension Buffer, RB1) 后，加入 15 μL 核糖核酸酶 A (RNase A)；
- (3) 55℃ 水浴 15 min；
- (4) 12000 rpm, 5 min, 上清液移入 2 mL 试管中；
- (5) 加入 100 μL 的沉淀缓冲液 (Precipitation Buffer, PB1), 放入冰盒中冰浴 5 min 后, 12000 rpm, 5 min；
- (6) 将上清液移至 2 mL 试管中，加入 375 μL 结合缓冲液 (Binding Buffer, BB1)；
- (7) 吸取全部液体至 1 mL 离心柱管中后，12000 rpm, 30 s, 去除缓冲液；
- (8) 加入 500 μL 清除缓冲液 (Clean Buffer, CB1), 12000 rpm, 30 s, 去除缓冲液；
- (9) 加入 500 μL 漂洗缓冲液 (Wash Buffer, WB1), 12000 rpm, 30 s, 去除缓冲液；
- (10) 重复加入 WB1 并离心；
- (11) 12000 rpm, 5 min, 去除残留液；
- (12) 离心柱放入新的 2 mL 试管后，加入 100 μL 预热好的洗脱液 (Elution Buffer, EB) 60-70℃, 12000 rpm, 1 min, 洗脱 DNA。

1.2.2.3 PCR 扩增

表 1.1 和表 1.2 为 PCR 扩增体系和条件，根据文献^[7]，选用 OI1/OI2c 引物判断样品感病与否，特异性引物序列为：

OI1: 5'-GCGCGTATCCAATACGAGCGGCA-3'

OI2c: 5'-GCCTCGCGACTTCGCAACCCAT-3'

表 1.1 PCR 扩增体系

Table 1.1 The PCR amplification system

反应成分 Composition of reaction	体积(μL) Volume (μL)
OI1	1
OI2c	1
ddH ₂ O	9.5
2×Taq PCR Master Mix	12.5
样品 DNA	1

PCR 扩增完成后, 将扩增产物加注 1%琼脂糖凝胶进行电泳 (30 min, 120 V), 完成后使用凝胶成像仪观察, 并对健康与感病样品分类。

表 1.2 PCR 扩增条件

Table 1.2 The condition of PCR amplification reaction

循环数 cycles	步骤 step	温度(°C) Temperature (°C)	时间(s) Time (s)
1	预变性	96	60
35	变性	94	30
35	退火	55	30
35	延伸	72	60
1	修复延伸	72	240

1.2.2.4 质粒标准品制备

本试验选择 Li 等 (2006) [8]设计的黄龙病菌亚洲种检测体系对采集的样品中黄龙病菌含量进行检测, 以黄龙病病原菌基因组 CLas 基因片段 (5'-GTCGAGCGCGTATGCAATACGAGCGGCAGACGGGTG-AGTAACGCGTAGGAATCTACCTTTTCTACGGGATAACGCA-3') 为模板扩增目的片段, 所用引物序列^[9-10]如表 1.3 所示。

表 1.3 黄龙病检测探针序列

Table 1.3 Probe for HLB quantitative detection

名称 name	目的基因引物序列 (5'-3') Target gene primer sequence (5'-3')	扩增片段大小 Amplified fragment size
HLB asf	TCGAGCGCGTATGCAATACG	75 bp
HLB asr	GCGTTATCCCGTAGAAAAAGGTAG	
HLB Probe	FAM-AGACGGGTGAGTAACGCG-BHQ1	

首先以提取的阳性基因组总 DNA 为模版, 进行普通 PCR 扩增, PCR 反应条件: 96°C 预变性 4 min; 94°C 变性 30 s, 55°C 退火 30 s, 72°C 延伸 1 min, 35 个循环; 72°C 修复延伸 4 min; PCR 反应体系 (25 μ L)。反应体系如表 1.4 所示:

表 1.4 PCR 扩增体系

Table 1.4 The PCR amplification system

反应成分 Composition of reaction	体积(μ L) Volume (μ L)
HLB asf(10 μ M)	1
HLB asr(10 μ M)	1
ddH ₂ O	9.5
2 \times Taq PCR Master Mix	12.5
样品 DNA	1

PCR 扩增反应结束后, 将产物进行 1.5%琼脂糖凝胶电泳 (20 min, 150 V), 观察是否扩增出目的条带。获得目的条带后, 进行胶回收, 使用 FastPure® Gel DNA Extraction Mini Kit 试剂盒, 操作如下:

(1) DNA 电泳结束后, 在紫外灯下快速切下含有目的 DNA 片段的凝胶。

(2) 加入等倍体积的 Buffer GDP, 56°C 水浴 10 min, 确保凝胶块完全溶解。水浴期间颠倒混匀 2 次加速溶胶。

(3) 短暂离心。将 $\leq 700 \mu\text{L}$ 胶溶液转移至吸附柱中, 12000 rpm, 30 s。若大于 700 μL , 将吸附柱置回收集管, 剩余溶液转移至吸附柱中, 12000 rpm, 30 s。

(4) 弃滤液。加入 300 μL Buffer GDP 至吸附柱中。静置 1 min。12000 rpm, 30 s。

(5) 弃滤液。加入 700 μL Buffer GW (已加入无水乙醇) 至吸附柱中。12000 rpm, 30 s。(沿吸附柱壁四周加入 Buffer GW, 或加入 Buffer GW 后盖盖颠倒混匀 3 次有助于冲洗粘附在壁上的盐分)

(6) 重复第 5 步。

(7) 弃滤液。12000 rpm, 2 min。

(8) 将吸附柱置于 1.5 mL 灭菌的离心管中, 加入 30 μL Elution Buffer 或已灭菌去离子水至吸附柱中央, 放置 2 min。12000 rpm, 1 min。

(9) 将得到的溶液重新加入离心吸附柱中, 12000 rpm, 1 min (二次洗脱)。

(10) 弃去吸附柱, 把 DNA 保存于 -20°C 。

将纯化后的 DNA 进行克隆测序, 使用 pMDTM18-T Vector Cloning Kit 试剂盒, 在 PCR 管中配制下列反应体系, 16 $^\circ\text{C}$ 连接 1 h, 将目的基因片段连接到 pMD18-T Vector 载体上, 反应体系如表 1.5 所示。

表 1.5 T 载反应体系

Table 1.5 The pMDTM18-T reaction system

反应成分 Composition of reaction	体积(μL) Volume (μL)
Solution I	5
pMD [®] 18-T Vector	0.2
PCR Product	4.8
Total	10

连接成功后, 进行连接产物转化, 使用生工一步法快速感受态细胞制备试剂盒(产品编号: SK9307)。

第二天挑选出白色菌落, 通过菌落 PCR 扩增确认载体中插入片段的长度。根据 pMDTM18-T Vector Cloning Kit 试剂盒, 使用 T 载的引物序列为:

M13F: 5'-CGCCAGGGTTTTCCCAGTCACGAC-3'

M13R: 5'-GAGCGGATAACAATTTTCACACAGG-3'

PCR 反应条件: 96 $^\circ\text{C}$ 预变性 60 s; 94 $^\circ\text{C}$ 变性 30 s, 55 $^\circ\text{C}$ 退火 30 s, 72 $^\circ\text{C}$ 延伸 1 min, 35 个循环; 72 $^\circ\text{C}$ 修复延伸 4 min; PCR 反应体系 (25 μL)。

PCR 反应体系如表 1.6 所示。

表 1.6 PCR 扩增体系

Table 1.6 The PCR amplification system

反应成分 Composition of reaction	体积(μL) Volume (μL)
2 \times Taq PCR Master Mix	12.5
M13F(10 μM)	1
M13R(10 μM)	1
Template (菌液)	1
ddH ₂ O	9.5
Total	25

PCR 扩增反应结束后, 将产物进行 2% 琼脂糖凝胶电泳 (25 min, 90 V), 观察是否扩增出目的条

带。条带大小比对正确后，从 10 μL 菌液中吸取 1 μL 菌液到 LB 液体培养基中，于恒温摇床中过夜培养（37 $^{\circ}\text{C}$ ，200 rpm），次日吸取 600 μL 菌液加入 600 μL 甘油，将菌液保存到 1.5 mL 离心管中。将阳性菌液送至生工生物工程（上海）股份有限公司进行测序，测序结果比对正确后，使用生工质粒提取试剂盒 B518191 SanPrep 柱式质粒 DNA 小量抽提试剂盒提取质粒。

1.2.2.5 TaqMan qPCR 检测分析

提取成功的质粒标准品以双蒸水（ddH₂O）10 倍梯度稀释之后作为模板，90 μL 稀释液+10 μL 质粒进行 6 个浓度梯度稀释，进行 TaqMan qPCR 检测，每个浓度梯度做三个技术重复，通过预实验选取合适标准品用于制备标准曲线，20 μL 的 TaqMan qPCR 反应体系如表 1.7 所示：

表 1.7 TaqMan qPCR 扩增体系
Table 1.7 The TaqMan qPCR amplification system

反应成分 Composition of reaction	浓度 concentration	体积(μL) Volume (μL)
TaqMan Fast qPCR Master Mix	2 \times	10
HLB asf(10 μM)	10 μM	0.4
HLB asr(10 μM)	10 μM	0.4
HLB Probe(10 μM)	10 μM	0.4
ddH ₂ O		7.8
Template(DNA)		1
Total		20

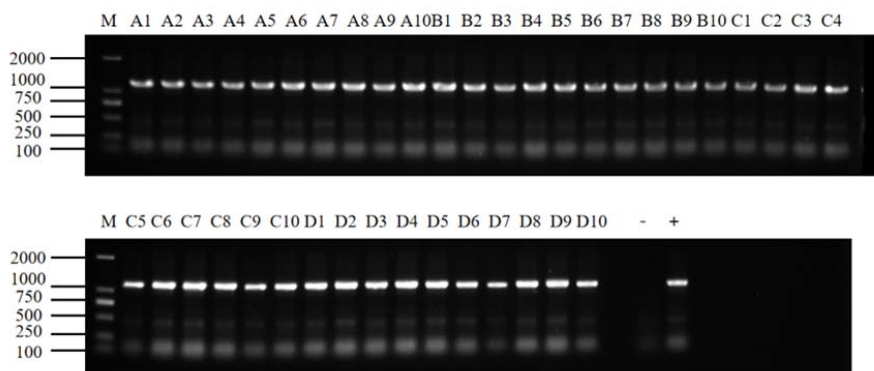
PCR 循环条件：95 $^{\circ}\text{C}$ ，3 min；95 $^{\circ}\text{C}$ ，10 s，57 $^{\circ}\text{C}$ ，15 s，72 $^{\circ}\text{C}$ ，30s，45 个循环周期。

完成上述步骤后，把加好样品的 96 孔板放在 qTOWER3 qPCR 仪中进行反应，得出标准曲线，以质粒制作标准曲线来计算样品中 CLas 基因组拷贝数（copy number，CN）。

2 结果与分析

2.1 砂糖橘果园采集情况

根据 PCR 扩增结果，确定感病样品，每个果园按五点（东、西、南、北和中方位）采样法选择 10 株黄龙病植株作为试验样品，本次试验植株总计 40 株，以感病砂糖橘叶片标准品作为阳性对照，以健康砂糖橘叶片标准品作为阴性对照，扩增结果如图 1.1 所示。



注：M 为 DL2000 DNA marker，由 6 条特定分子量的双链 DNA 片段组成，标注为图中左侧数字；
+为阳性对照，-为阴性对照，A1~D10 为样品植株编号。

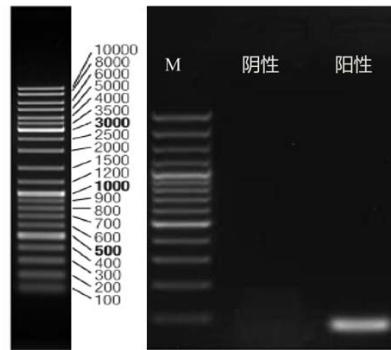
图 1.1 CLas 的 PCR 扩增产物 1%琼脂糖电泳图

Figure 1.1 1% agarose electrophoresis of PCR amplification products of CLas

本试验样品植株共 40 株，周年共获得叶样品 480 份，周年 DNA 提取样本共计 1440 份，PCR 检测结果发现，果园中采集的疑似患病样品都确诊感染柑橘黄龙病，该果园黄龙病扩散程度较大，病情较为严重。选定 40 株感病植株测定病树内黄龙病菌含量的周年动态变化，明确黄龙病菌的消长规律，为黄龙病的综合防控提供参考依据。

2.2 质粒的构建

以提取的柑橘叶片阳性基因组总 DNA 为模版，使用 HLB asf/HLB asr 引物进行普通 PCR 扩增，扩增出目的条带，如图 1.2 所示。

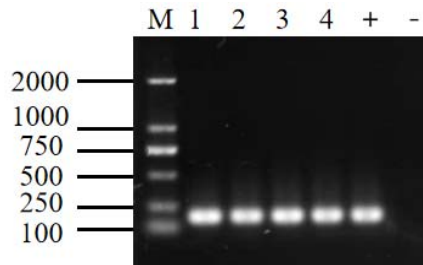


注：M 为 DL10000 DNA marker，片段标注为图中左侧数字。

图 1.2 CLAs 的 PCR 扩增产物 1%琼脂糖电泳图

Figure 1.2 1% agarose electrophoresis of PCR amplification products of CLAs

验证目标片段载体，将 HLBas/HLBr 扩增片段连接到上 pMD 18-T Vector 得到 pMD 18-T 载体，使用引物 M13F/M13R 扩增得到 211 bp 特异条带。测序后使用 DNAMAN 进行序列比对，与 CLAs 基因组中相应序列相似性为 100%，验证结果正确，如图 1.3 所示。



注：M 为 DL2000 DNA marker，由 6 条特定分子量的双链 DNA 片段组成，标注为图中左侧数字；

+为阳性对照，-为阴性对照，数字为样品编号。

图 1.3 pMD 18-T 载体的验证

Figure 1.3 Validation of pMD 18-T vector

表 1.8 HLB 质粒相关数值

Table 1.8 HLB plasmid correlation valuesn

名称 name	质粒 plasmid
扩增子长度	75(bp)
质粒大小	2767(bp)
浓度	86.35(ng/μL)
拷贝数	2.89E+10(copies/μL)
标曲最高拷贝数	2.89E+07(copies/μL)

注：[1]质粒浓度换算公式(copies/μL)=(mol 数/μL × 6.02 × 10²³=[质量(g)/分子量]/μL × 6.02 × 10²³=[质量(ng) × 10⁻⁹

分量] $\mu\text{L} \times 6.02 \times 10^{23} = \text{浓度}(\text{ng}/\mu\text{L}) \times 6.02 \times 10^{14} / \text{分子量}$; [2]分子量=(载体片段碱基对+PCR 产物碱基对) $\times 650$; [3]双链 DNA 分子的分子量(道尔顿)=碱基对数目 $\times 650$; [4]一个 DNA 碱基对(钠盐)的平均分子量=650 道尔顿。

2.3 标准曲线的制备

目的基因 HLB 梯度稀释样品扩增和标准曲线结果如图 1.4 和图 1.5 所示。

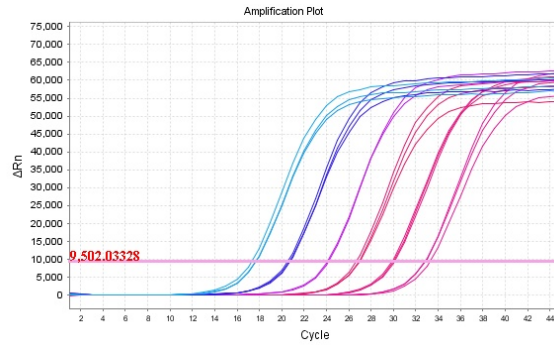
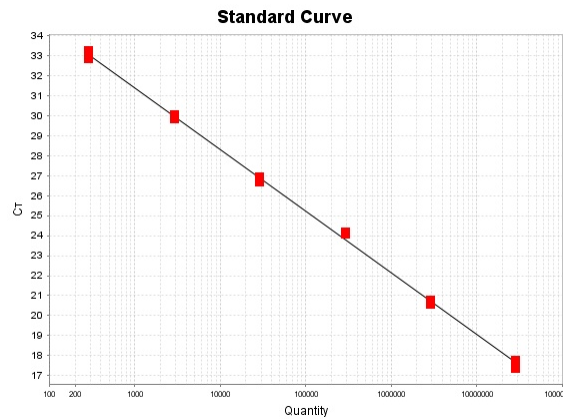


图 1.4 目的基因梯度稀释样品 TaqMan qPCR 扩增曲线

Figure 1.4 TaqMan qPCR amplification curve of gradient dilution sample of target gene



注：纵坐标是 CT 值；横坐标 LogCO，LogCO 是指 Log 浓度即取浓度的对数。Slope=-3.078；
扩增效率： $E=10^{-1/\text{斜率}}-1=10^{-1/-3.078}-1=111.283\%$ ；相关系数： $R^2=0.999$ ；Y-inter=40.63。

图 1.5 CLAs 检测的荧光定量 TaqMan qPCR 标准曲线

Figure 1.5 TaqMan qPCR standard curve for Las detection

标准曲线 $y=-3.078x+40.63(R^2=0.999, E=111.283\%)$ 。y 为 CT 值，x 为 DNA 浓度的对数，DNA 浓度转化为模板拷贝数，单位 copies/ μL 。得到公式 $Y=-3.078\lg(\text{CN})+40.63$ (Y 为 CT 值，CN 为模板拷贝数)。

2.4 梢期及果实成熟期 5 个不同发育阶段砂糖橘 CLAs 含量的变化规律

利用实时荧光定量 TaqMan qPCR 检测 40 株砂糖橘的病原菌含量周年变化，周年中 1 月为果实成熟期，2-4 月为春梢期，5-7 月为夏梢期，8-10 月为秋梢期，11-12 月为冬梢期，进而分析梢期和果实成熟期 5 个不同发育阶段的感病砂糖橘黄龙病菌含量变化规律。根据上一章制备标曲得出的公式 $Y=-3.078\lg(\text{CN})+40.63$ 来计算黄龙病菌的含量，Y 为样品进行 TaqMan qPCR 检测得出的 CT 值，CN 为 DNA 浓度，单位为 copies/ μL ，qPCR 体系中的样品 DNA 量为 1 μL ，用于提取全基因组 DNA 的样品叶片质量为 0.1 g，根据线性回归方程计算每克病样组织内黄龙病菌量= $10^{[(Y-40.63)/-3.078]} \times 10^3$ ，单位为 copies/g。

利用 Excel 2021 进行数据记录与处理，用 IBM SPSS statistics 25 对检测数据做单因素方差分析，显著性 $P<0.05$ ，使用 GraphPad Prism 8.0 作图，将不同月份及 4 个梢期和果实成熟期的砂糖橘样品 DNA

的 CT 值和样品叶片病原菌含量的变化数据进行相关性分析，探索 HLB 的流行规律。结果如下所示：

表 1.9 一年内不同月份样品含菌 CT 值变化
Table 1.9 Changes of CT values of bacteria in different months of the year

栽培品种 cultivated variety	一年内不同月份样品病菌含量 CT 平均值 CT mean value of pathogen content in samples in different months within a year		
	1 月	2 月	3 月
砂糖橘	(24.65±0.12)d	(27.37±0.18)b	(27.35±0.18)b
	4 月	5 月	6 月
	(28.74±0.14)a	(28.59±0.18)a	(27.03±0.13)b
	7 月	8 月	9 月
	(26.41±0.18)c	(25.06±0.12)d	(27.12±0.18)b
	10 月	11 月	12 月
	(25.07±0.13)d	(26.06±0.16)c	(24.19±0.16)e

注：数据表示平均值±标准误(n=120)，同行数据后不同小写字母表示在 0.05 水平差异显著(P<0.05)。

利用实时荧光定量 TaqMan qPCR 每个月对 40 株感病砂糖橘内含菌量变化进行连续定量检测，结果表明，所有被检测样品均显阳性（CT 值小于 35）；黄龙病菌 CT 值在不同月份有明显的变化，感病砂糖橘树体含菌量 CT 平均值的趋势为：4 月份>5 月份>2 月份>3 月份>9 月份>6 月份>7 月份>11 月份>10 月份>8 月份>1 月份>12 月份。其中 4 月和 5 月病菌含量 CT 值无显著差异，2 月、3 月、6 月和 9 月病菌含量 CT 值无显著差异，7 月和 11 月病菌含量 CT 值无显著差异，1 月、8 月和 10 月病菌含量 CT 值无显著差异（P>0.05）；12 月份病菌含量 CT 值显著低于其他月份；4 月和 5 月病菌含量 CT 值显著高于其他月份（P<0.05）。

表 1.10 不同梢期和果实成熟期样品含菌 CT 值变化
Table 1.10 Changes of CT values of bacteria in samples at different shoot and fruit ripening stages

栽培品种 cultivated variety	不同梢期和果实成熟期样品含菌 CT 值变化 Changes of CT of bacteria in samples at different shoot and fruit ripening stages		
	春梢期	夏梢期	秋梢期
砂糖橘	(27.82±1.94)e	(27.35±2.01)a	(25.75±1.87)b
	冬梢期	果实成熟期	
	(25.13±2.02)c	(24.65±1.29)d	

注：数据表示平均值±标准误，同行数据后不同小写字母表示在 0.05 水平差异显著(P<0.05)。

结果表明：黄龙病菌 CT 值在不同梢期及果实成熟期内有明显的变化，感病砂糖橘树体含菌量平均 CT 值的趋势：春梢期>夏梢期>秋梢期>冬梢期>果实成熟期，春梢期、夏梢期、秋梢期、冬梢期和果实成熟期感病砂糖橘树体含菌量平均 CT 值差异显著(P<0.05)。

表 1.11 样品黄龙病菌含量在一年内不同月份的动态变化
Table 1.11 Dynamic changes of pathogen content in samples in different months in a year

栽培品种 cultivated variety	样品黄龙病菌含量在一年内不同月份的动态变化 Dynamic change of Pathogen content of HLB in different months of a year (copies/g)	
	1 月	2 月
砂糖橘	(24.51±2.47)×10 ⁷ bcd	(10.24±2.84)×10 ⁷ cde
	3 月	4 月

	(6.71±1.28)×10 ⁷ de	(22.82±6.61)×10 ⁶ e
	5月	6月
	(3.88±1.05)×10 ⁷ e	(42.95±4.14)×10 ⁶ e
	7月	8月
	(16.47±3.95)×10 ⁷ cde	(20.73±3.23)×10 ⁷ bcde
	9月	10月
	(2.56±1.02)×10 ⁸ bcd	(29.77±9.06)×10 ⁷ bc
	11月	12月
	(3.79±1.39)×10 ⁸ ab	(48.45±7.16)×10 ⁷ a

注：数据表示平均值±标准误(n=120)，同行数据后不同小写字母表示在 0.05 水平差异显著(P<0.05)。

结果表明：根据砂糖橘黄龙病菌 16S rDNA 基因的 qPCR 标准曲线线性回归方程，把获得的黄龙病菌菌量 CT 值转化为每克砂糖橘组织内的含菌量。一年内不同月份平均感病砂糖橘的黄龙病菌含量：4月<5月<6月<3月<2月<7月<8月<1月<9月<10月<11月<12月；全年砂糖橘每克组织黄龙病菌平均含量在 2.28×10⁷~4.85×10⁸ 拷贝之间，4-6月病菌量出现低峰，7-12月病菌量呈现增长趋势，并在 12月份达到增长高峰。其中 11月和 12月病菌含量无显著差异，4月、5月和 6月病菌含量显著低于其他月份，11月和 12月病菌含量显著高于其他月份(P<0.05)。

表 1.12 不同梢期和果实成熟期的黄龙病菌含量变化

Table 1.12 Changes of pathogen contents in different shoot stages and fruit ripening stages

栽培品种 cultivated variety	不同梢期和果实成熟期的黄龙病菌含量变化 Changes of Pathogen content in Different shoot and fruit maturity stages (copies/g)	
砂糖橘	春梢期	夏梢期
	(6.41±1.07)×10 ⁷ c	(8.21±1.40)×10 ⁷ c
	秋梢期	冬梢期
	(25.37±4.65)×10 ⁷ b	(43.17±7.80)×10 ⁷ a
	果实成熟期	
	(24.51±2.47)×10 ⁷ b	

注：数据表示平均值±标准误，同行数据后不同小写字母表示在 0.05 水平差异显著(P<0.05)。

结果表明：不同梢期和果实成熟期的感病砂糖橘的平均黄龙病菌含量：春梢期<夏梢期<果实成熟期<秋梢期<冬梢期；全年砂糖橘每克组织黄龙病菌平均含量在 2.28×10⁷~4.85×10⁸ 拷贝之间。其中秋梢期和果实成熟期黄龙病菌含量无显著差异，春梢期和夏梢期黄龙病菌含量无显著差异(P>0.05)；冬梢期黄龙病菌含量显著高于春梢期、夏梢期、秋梢期和果实成熟期，春梢期和夏梢期黄龙病菌含量显著低于果实成熟期、秋梢期和冬梢期，果实成熟期和秋梢期的黄龙病菌含量显著低于冬梢期(P<0.05)。

3 讨论

本研究明确了感病砂糖橘体内黄龙病菌的年动态变化规律，比较分析了砂糖橘病株梢期和果实成熟期 5 个不同发育阶段黄龙病菌含量的变化情况，为确定果园田间普查病情和检测植株是否带菌最佳时期和黄龙病的最佳防控时期提供参考依据。胡浩研究结果显示在柑橘黄龙病菌含量在 10 月时含量最高，3-5 月时植株病菌含量比较少^[11]。研究发现黄龙病菌含量的最高值出现在 10 月和 12 月，3 月和 5 月病菌含量较少^[12]。程保平研究发现柑橘病树内的黄龙病菌含量在春梢期最低，夏梢、秋梢期次之，冬梢期及果实成熟期最高^[13]。李敏在感病砂糖橘根和叶的菌含量周年动态研究中，发现叶的菌含量始终显著高于根的菌含量，根和叶的菌含量均在秋季最高，夏季最低。叶的菌含量变化相对稳定，但是

10-12 月份的菌含量迅速增长且显著高于其他月份^[14]。李智鹏等研究发现果园中柑橘黄龙病亚洲种含量变化呈现一定规律消涨趋势,与以往的研究结果有相同之处,在 10 月存在高峰,柑橘体内亚洲种含量变化与温度和下雨天数这 2 个气候因子无相关性^[15]。上述学者的研究结果都说明病树体内黄龙病菌含量在 10-12 月份较其他月份会升高,与本研究的结果大致相似。

本研究发现柑橘黄龙病菌一年内在 4-6 月份呈现低谷的变化趋势,从 7 月份开始逐步增长,春梢期和夏梢期病菌含量低于其他时期,差异显著,果实成熟期和秋梢期的黄龙病菌含量显著低于冬梢期,这说明感病砂糖橘体内的黄龙病菌含量变化与不同的砂糖橘生长时期可能有着联系。春、夏梢期的时候气温比较高,环境气候比较适宜柑橘的生长发育,树体强健,从而能够抑制黄龙病菌的生命活动;而在冬梢、秋梢期及果实成熟期的时候,天气开始变冷,气候适宜度降低,而随着果实的成熟,柑橘树体的营养会向果实集中运输,冬天的时候植物的根系吸收能力会有所减弱,这些原因可能会导致感病砂糖橘树的营养失衡、树的长势变弱,黄龙病菌的活动加强,从而难以抑制。此外,因为果园的地理位置差异,不同的地区气候以及不同品种的柑橘植株都会给实验结果带来一些影响。综上,黄龙病的防控可以通过培养健壮发达的苗木根系,从而提高感病柑橘植株的营养吸收和传导的能力,促进树体强健,增强植株抗逆性,可以依据消长规律,做好果园管理,抑制黄龙病菌。本试验结果可为黄龙病果园监测、产量损失和综合治理模型的建立提供一定参考依据,对柑橘黄龙病的防控具有一定指导意义。本试验的结果可以为后续柑橘黄龙病的田间防控的最佳用药时间提供指导依据,建议于 7 月份黄龙病高发期之前进行药剂处理。

参考文献

- [1] 陈源,张迪,潘鹤立,等.不同品种柑橘果皮的抗氧化能力研究[J].热带作物学报,2019,40(8):1633-1637.
- [2] 唐传核,彭志英.柑橘类的功能性成分研究概况[J].四川食品与发酵,2000,1(4):1-7.
- [3] Reinking O A. Host index of diseases of economic plants in the Philippines[J]. Philippine Agriculturist, 1919, 8(91): 38-54.
- [4] Bové J M, Barros A P D. Huanglongbing: A destructive, newly emerging, century-old disease of citrus[J]. Journal of Plant Pathology, 2006, 88(1): 7-37.
- [5] 佚名.柑橘各梢段特点与春梢管理[J].农化市场十日讯,2019,2(5):2-4.
- [6] Teixeira D C, Saillard C, Couture C, et al. Distribution and quantification of *Candidatus Liberibacter americanus*, agent of huanglongbing disease of citrus in so Paulo State, Brasil, in leaves of an affected sweet orange tree as determined by PCR[J]. Molecular & Cellular Probes, 2008, 22(3): 139-150.
- [7] 肖婉钰,黄江华.砂糖桔黄龙病 3 种检测引物灵敏性比较研究[J].仲恺农业工程学院学报,2019,32(3):14-17.
- [8] Li W, Hartung J S, Levy L. Quantitative real-time PCR for detection and identification of *Candidatus Liberibacter species* associate with citrus huanglongbing[J]. Journal of Microbiological Methods, 2006, 66(1): 104-11.
- [9] 王华堂,曾鑫年,薛培培,等.Direct-PCR 检测柑橘黄龙病的快速制样方法研究[J].果树学报,2014,31(4):733-738.
- [10] 陈冬梅.柑桔黄龙病叶近红外光谱特征及药效评价应用[D].华南农业大学,2016.
- [11] 胡浩.应用荧光定量 PCR 技术研究亚洲韧皮部杆菌在寄主体内的动态变化及分布[D].重庆大学,2007.
- [12] Wang Z, Yin Y, Hu H, et al. Development and application of molecular-based diagnosis for '*Candidatus Liberibacter asiaticus*', the causal pathogen of citrus huanglongbing[J]. Plant Pathology, 2010, 55(5): 630-638.
- [13] 程保平,彭埃天,宋晓兵,等.广东三个柑橘品种不同生育期的黄龙病菌含量动态变化研究[J].植物保护,2017,43(4):208-212.
- [14] 李敏.黄龙病菌在柑橘根部的动态消长及其对丛枝菌根侵染的影响[D].华南农业大学,2018.
- [15] 李智鹏,关巍,黄洋,等.柑橘黄龙病菌在寄主体内含量动态变化研究[J].果树学报,2019,36(11):1540-1548.

芒果病程相关蛋白 *MiPRI* 基因家族鉴定和 *MiPRIA* 基因功能分析

李佳俊, 罗聪, 杨小州, 彭龙辉, 陆婷婷, 何新华*

*为通讯作者

广西大学农学院, 亚热带农业生物资源保护与利用国家重点实验室, 广西农业环境与农产品安全重点实验室, 广西南宁 530004

摘要: 病程相关蛋白 *PR1* 是植物防御机制中抵抗各种生物和非生物胁迫的重要组成部分。在本研究中, 通过对四季蜜芒基因组进行生物信息学分析, 鉴定到 10 个 *PR1* 基因家族成员, 系统分析了这些基因的结构、理化性质、染色体定位、启动子顺势原件分析和进化关系。*MiPRI* 基因不均匀的分布在芒果的二十条染色体中, 对其进行组织、生物胁迫与非生物胁迫表达分析, 发现 *MiPRI* 基因家族在不同组织中表达并不相同, 生物和非生物胁迫在不同程度上诱导了 *MiPRI* 基因的表达。在这些基因中, *MiPRIA* 基因在芒果的芽和胚中略高表达, 在盐、干旱胁迫和接种胶孢炭疽菌的处理中显著上调。进一步对 *MiPRIA* 基因转拟南芥进行功能研究。与野生型拟南芥相比, *MiPRIA* 基因在拟南芥中过表达增加了转基因拟南芥的耐盐性和抗旱性, 超氧化物歧化酶 (SOD) 活性和脯氨酸含量显著升高, 丙二醛 (MDA) 含量显著下降。转 *MiPRIA* 基因, 能增强转基因拟南芥对胶孢炭疽菌的抗性。

关键词 芒果; 全基因组鉴定; *PR1* 基因家族; 表达分析; 功能验证

基金资助 广西创新驱动发展专项资金资助项目(桂科 AA22068098-2), 国家现代农业产业技术体系广西芒果创新团队栽培与病虫害防治岗位项目(nycytxgxcxtd-2021-06-2)

A sugarcane smut fungus effector simulates the host endogenous elicitor peptide to suppress plant immunity

Hui Ling^{1,2*} , Xueqin Fu^{1*}, Ning Huang^{2*}, Zaofa Zhong¹, Weihua Su¹, Wenxiong Lin¹, Haitao Cui¹  and Youxiong Que¹ 

¹Key Laboratory of Sugarcane Biology and Genetic Breeding, Ministry of Agriculture, Key Laboratory of Ministry of Education for Genetics, Breeding and Multiple Utilization of Crops, Plant Immunity Center, College of Life Sciences, Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou 350002, China; ²College of Agriculture, Yulin Normal University, Yulin 537000, China

Summary

Authors for correspondence:
Youxiong Que
Email: queyouxiong@126.com

Haitao Cui
Email: cui@fafu.edu.cn

Received: 6 July 2021
Accepted: 22 October 2021

New Phytologist (2021)
doi: 10.1111/nph.17835

Key words: effector, PEPR1, plant immunity, smut fungus, sugarcane.

- The smut fungus *Sporisorium scitamineum* causes the most prevalent disease on sugarcane. The mechanism of its pathogenesis, especially the functions and host targets of its effector proteins, are unknown.
- In order to identify putative effectors involving in *S. scitamineum* infection, a weighted gene co-expression network analysis was conducted based on the transcriptome profiles of both smut fungus and sugarcane using a customized microarray. A smut effector gene, termed *SsPele1*, showed strong co-expression with sugarcane *PLANT ELICITOR PEPTIDE RECEPTOR1* (*ScPEPR1*), which encodes a receptor like kinase for perception of plant elicitor peptide1 (*ScPep1*). The relationship between *SsPele1* and *ScPEPR1*, and the biological function of *SsPele1* were characterized in this study.
- The *SsPele1* C-terminus contains a plant elicitor peptide-like motif, by which *SsPele1* interacts strongly with *ScPEPR1*. Strikingly, the perception of *ScPep1* on *ScPEPR1* is competed by *SsPele1* association, leading to the suppression of *ScPEPR1*-mediated immune responses. Moreover, the *Ustilago maydis* effector *UmPele1*, an ortholog of *SsPele1*, promotes fungal virulence using the same strategy.
- This study reveals a novel strategy by which a fungal effector can mimic the plant elicitor peptide to complete its perception and attenuate receptor-activated immunity.

Introduction

Sugarcane (*Saccharum* spp. hybrids) is a multifunctional crop especially for sugar production (Marques *et al.*, 2017). It is impacted by various diseases, including sugarcane smut, caused by *Sporisorium scitamineum* (Ustilaginomycetes), which occur in the growing areas all over the world (Marques *et al.*, 2017). Smut fungi colonize the apical meristematic tissue of the germinating lateral bud or stem apex, resulting in the degradation of plant cell wall, enlargement of the intercellular space, hormonal imbalance and the development of a whip-like sorus in sugarcane (Marques *et al.*, 2017, 2018). The sorus is an elongated internode whose growth is mediated by high mitotic activity of the intercalary meristem at the base (Marques *et al.*, 2018). The underlying mechanisms driving the cellular changes in the host tissue remain to be elucidated.

Smut fungi are facultative biotrophs, as they can grow saprotrophically as yeast-like cells on culture media but require the biotrophic infection of host cells to complete their life cycle (Sundar *et al.*, 2012). To establish a biotrophic parasite, these fungi deliver large amounts of effectors to counteract host defenses.

Ustilago maydis and *Sporisorium reilianum*, which cause smut disease on maize, both produce more than four hundred putative effectors (Schuster *et al.*, 2018). Many smut effectors have enzymatic activities, such as mutase, peroxidase or protease (Doehlemann *et al.*, 2009, 2011; Djamei *et al.*, 2011; Hemetsberger *et al.*, 2012; Mueller *et al.*, 2013; Ma *et al.*, 2018; Schweizer *et al.*, 2018). However, many smut-secreted effectors, accounting for nearly half of the secretome, lack known functional domains (Schuster *et al.*, 2018). The *S. scitamineum* genome encodes 622 proteins with signal peptides, among which 537 were predicted as candidate-secreted effector proteins (Que *et al.*, 2014b; Duteil *et al.*, 2016), including the orthologs of well-studied effectors in *U. maydis*, such as Cmu1, Pep1, Pit2, Stp1 and Tin2 (Tumor inducing2) (Tanaka *et al.*, 2014). The transcription of these effector genes was significantly upregulated in the infected tissue (Barnabas *et al.*, 2017). However, none of the putative effectors in *S. scitamineum* has been functionally characterized.

Different technologies, including metabolomics (Sánchez-Elordi *et al.*, 2019), proteomics (Barnabas *et al.*, 2017) and DNA/RNA related-omics (Que *et al.*, 2014a,b; Su *et al.*, 2019), have been used in identifying *S. scitamineum* factors that were involved in sugarcane–*S. scitamineum* interactions. These studies usually focused on either sugarcane or smut fungus, but not on

*These authors contributed equally to this work.

both. Furthermore, most *S. scitamineum* transcripts or proteins are missing from the published sugarcane–*S. scitamineum* mixed transcriptome or proteome data probably due to the low biomass of *S. scitamineum* in the mixed samples. Weighted gene co-expression network analysis (WGCNA) is a widely used systemic biology method to construct gene networks, detect gene modules and identify the central players within modules (Langfelder & Horvath, 2008). In a co-expression network between the biomass and gene expression levels in *U. maydis* using WGCNA, three well-known effector genes *Pep1*, *Pit2* and *Stp1*, and 25 uncharacterized core effector genes were clustered into the same module and were speculated to be important for establishing biotrophy (Lanver *et al.*, 2018). An *Arabidopsis thaliana*–*Botrytis cinerea* gene co-expression network generated using WGCNA revealed that fungal phytotoxins, such as sesquiterpene botrydial and polyketide botcinic acid, likely targeted host defense/camalexin related components to inhibit host immunity (Zhang *et al.*, 2019). To date, WGCNA has not yet been used to construct sugarcane–*S. scitamineum* gene co-expression networks and to identify key players in this pathosystem.

The first layer of the plant immune system consists of PAMP-triggered immunity (PTI) that is activated by cell-surface-resident pattern recognition receptors (PRRs), perceiving pathogen/microbe associated-molecular patterns (PAMPs/MAMPs) or damage-associated molecular patterns (DAMPs). PTI activates a series of immune responses, including production of reactive oxygen species (ROS) and nitric oxide, phosphorylation of mitogen-activated protein kinase (MAPK) cascades, transcriptional reprogramming, changing of hormone homeostasis, and callose deposition (Cui *et al.*, 2015; Liang & Zhou, 2018; Wang *et al.*, 2020). PRRs consist primarily of receptor-like kinases (RLKs) and receptor-like proteins (RLPs). There are approximately 610 and approximately 1100 RLKs accounting for *c.* 2% of the coding genes in the *Arabidopsis* and rice genomes, respectively (Liang & Zhou, 2018). In sugarcane, 427 RLKs and 157 RLPs are coded in the genome of the ancestral sugarcane genotype *Saccharum spontaneum* (Rody *et al.*, 2019). RNA-seq detected 290 RLK and 194 RLP transcripts in modern sugarcane varieties (Rody *et al.*, 2019). Among them, 18 were significantly upregulated in a smut-resistant variety (SP80–3280), whereas only six were upregulated in the smut-susceptible variety (IAC66–6) (Rody *et al.*, 2019), indicating their involvement in resistance to smut disease. However, none of these RLKs or RLPs have been functionally characterized in the sugarcane–*S. scitamineum* interaction thus far.

In this study, using a customized Agilent microarray combined with WGCNA, we discovered *S. scitamineum* putative effectors that exhibit strong co-expression with a sugarcane *PLANT ELICITOR PEPTIDE RECEPTOR1* (*ScPEPR1*) gene. Plant PEPRs are PRRs recognizing plant elicitor peptides (Peps) that are DAMPs being produced primarily after wounding (Tang & Zhou, 2016). We found that an apoplastic effector, termed SsPele1, interacts with ScPEPR1. SsPele1 has a Peps-like motif on the C-terminus and could bind to the ScPEPR1 extracellular LRR domain to compete ligand binding, leading to the suppression of ScPEPR1-mediated immune responses. The works reveal

a novel virulence mechanism of fungal apoplastic effector to suppress host defenses by competing perception of Peps.

Materials and Methods

Plant materials, growth conditions and pathogen infection

Sugarcane genotypes, NCo376 (highly resistant to *Sporisorium scitamineum*), YC71-374 (highly susceptible to *S. scitamineum*) and ROC22 (the most prevalent variety in China) were used. Robust sugarcane plants with uniform growth from NCo376 and YC71-374 were collected from the field and cut into single-bud stalks. These stalks were grown in an incubator at $28 \pm 0.5^\circ\text{C}$ 3000 lx, with a 16 h : 8 h, light : dark photoperiod, until the buds sprouted and the seedlings emerged, then three biological replicates were injected with *S. scitamineum* at 5×10^6 spores ml^{-1} or water (the control) (Huang *et al.*, 2018), respectively.

For testing the biological relevance of the 25-amino-acid peptide of the C-terminal of SsPele1 (SsPel25) in sugarcane–*S. scitamineum* pathosystem, three biological replicates each containing green sheaths from 10 ROC22 plants were surface-sterilized in 3% NaClO (v/v, contained 0.02% Tween20) for *c.* 20 min and washed with sterilized water. The outermost leaf sheath was discarded and 40 inner leaf sheaths were cut into 80 slices at about $0.5 \text{ cm} \times 2 \text{ cm}$. These slices were divided into two equal parts and immersed into the smut fungus solution (diploid-type Ss17-18 at $\text{OD}_{600} = 0.008$ in water plus 0.02% Tween20) only or containing the SsPel25 peptide ($5 \mu\text{M}$), respectively, and then vacuumized (0.4 kg cm^{-2}) for 10 min. They were placed on the filter paper covering solid Murashige & Skoog medium, and grown in an incubator ($28 + 0.5^\circ\text{C}$, 3000 lx, 16 h : 8 h, light : dark). About 10 slices were pooling-sampled at 0, 12 and 24 h for DNA isolation, respectively.

Arabidopsis thaliana Col-0 was used for sugarcane and *S. scitamineum* gene transformation and protoplast isolation. Seeds were germinated in soil, and plants were grown in an incubator at 22°C , 60% relative humidity with a 16 h : 8 h, light : dark photoperiod.

RNA isolation, cDNA amplification and quantitative real-time (qRT)-PCR

The sugarcane buds and *Arabidopsis* leaves were collected for RNA isolation using a TRIzol kit (#10296028; Invitrogen). RNA samples from NCo376 and YC71-374 sugarcane genotypes infected with *S. scitamineum* at 0 d postinoculation (dpi), 3 dpi (Peters *et al.*, 2017), 5 dpi (Schaker *et al.*, 2016) and 7 dpi (Singh *et al.*, 2004) were used for microarray hybridization and qRT-PCR validation. Total RNA ($1 \mu\text{g}$) was used for cDNA synthesis and qRT-PCR using ChamQ™ Universal SYBR qPCR Master Mix (#Q331-02; Vazyme, Nanjing, China) on a QuantStudio 3 machine (Applied Biosystems, Foster City, CA, USA). In qRT-PCR analysis, the relative expression level of sugarcane genes was normalized to the reference genes *acyl-CoA dehydrogenase* and *serinelarginine repetitive matrix protein 1* (Livak & Schmittgen, 2001; Huang *et al.*, 2018), and that of *S. scitamineum* genes was normalized to the reference genes *inosine 5'-monophosphate*

dehydrogenase and *SEC65-signal recognition particle subunit* (Livak & Schmittgen, 2001; Huang *et al.*, 2018), whereas that of Arabidopsis genes was normalized to *Actin* with $2^{-\Delta\Delta C_q}$ method (Livak & Schmittgen, 2001; Wang *et al.*, 2017).

TaqMan based detection of *S. scitamineum*

The fungal biomass of *S. scitamineum* in the infected sugarcane buds and sheath slices were quantified using a TaqMan-based qPCR method as described by Su *et al.* (2013). The cycle amplification of *bE*, a *S. scitamineum* gene related to mating (Albert & Schenck, 1996), in DNA samples and the plasmid pMD19-*bE* was compared (Su *et al.*, 2013). The primer pairs and the probes are listed in the Supporting Information Table S1.

Microarray design, hybridization, validation and data analysis

In order to identify the differentially expressed genes (DEGs) during the *S. scitamineum*–sugarcane interaction, a customized 8 × 60 K Agilent microarray (Agilent Technologies, Santa Clara, CA, USA), targeting nonredundant sugarcane genes (20 392, Table S2) (Que *et al.*, 2014a) and *S. scitamineum* genes (6621 coding sequences) (Que *et al.*, 2014a), was designed. The probes against the sugarcane genes had two technical replicates, whereas those against the *S. scitamineum* genes had three technical replicates. The microarray hybridization and the systemic normalization of gene expression, general data analysis of sample groups and calculation of differential gene expression level were processed by Shanghai Biotechnology Co. Ltd (SBC, Shanghai, China). R software was used for normalization per chip and systemic normalization of sugarcane and smut gene differential expression level with the QUANTILE algorithm separately. The DEGs with expression fold-change ≥ 2 or ≤ 0.5 ($P < 0.05$) were identified using the LIMMA package (www.bioconductor.org) (Bolstad *et al.*, 2003). All of these data were deposited in the Gene Expression Omnibus (GEO, GSE140801). Data analysis and figure illustration were performed using toolkit TBTOOLS (Chen *et al.*, 2020). For identifying the effector genes, the coding DNA sequences (CDSs) of *S. scitamineum* genes were aligned to the effector sequences of other gramineous smut fungi (Laurie *et al.*, 2012; Ali *et al.*, 2014; Brefort *et al.*, 2014; Que *et al.*, 2014a; Dutheil *et al.*, 2016), using TBTOOLS (Chen *et al.*, 2020).

Construction of a sugarcane–*S. scitamineum* co-expression network and screening of key genes

The R package based WGCNA (<http://labs.genetics.ucla.edu/horvath/CoexpressionNetwork/Rpackages/WGCNA/>) was used for identifying the DEG matrix (module) that was significantly associated with incubation time and fungal biomass. The parameters (soft threshold, 20; minimum module size, 30; merge cut height, 0.20) were fitted, and the modules, including DEGs with similar expression tendencies, were generated statistically and equitably with a one-step automatic construction method and indicated by different colors according to the correlation patterns. The DEGs from those modules significantly associated with the

increase of the fungal biomass and incubation period were chosen. The connectivity value between genes was obtained from the WGCNA. The top DEGs with the highest connectivity value were used to generate the visible co-expression network in CYTOSCAPE (v.3.5.0) software (Shannon *et al.*, 2002; Cline *et al.*, 2007).

Gene cloning, plasmid construction and sequence analysis

Sugarcane *PLANT ELICITOR PEPTIDE RECEPTOR1* (*ScPEPR1*) and four *S. scitamineum* putative effectors, *SsPE1*, *SsPE4*, *SsPE14* (*SsPele1*) and *SsPE15*, were cloned from genotype ROC22 (Table S3). The open reading frames (ORFs) of these genes were cloned into destination vectors, including pGBKT7, pGADT7, pSUC2T7M13ori, pFastR06, pXCSG and pCMABIA1306 (Table S1), using a cloning Kit (#C112-01; Vazyme). Likewise, the ORFs of *ScPEPR1* and *SsPE14* were introduced into pCMABIA1300S-nYFP and pCMABIA2300S-cYFP, respectively, to generate N-terminal YFP (nYFP) fused to *ScPEPR1* by its N-terminus (nYFP-*ScPEPR1*) and C-terminal (cYFP) fused to *SsPE14* or *SsPE14-Δsp* (without signal peptide) by its C-terminus (*SsPE14*-cYFP and *SsPE14-Δsp*-cYFP) (YFP, yellow fluorescent protein). The ORF of *AtPEPR1* without a stop codon also was introduced into pCAMBIA1306-FLAG. The primer pairs used for plasmid construction are listed in Table S1.

The sequences of the PEPR and peptide1 (Pep1) were downloaded from Sequence Read Archive database (SRP192749) and NCBI database (*S. spontaneum* genomic data: GCA_003544955.1; Table S3). The alignment of PEPR, Pep1 and the effectors was performed with DNAMAN (v.7.0.2.176) and GENEDOC (<http://www.flu.org.cn/en/download-47.html>). A phylogenetic tree was generated using the maximum-likelihood method with 1000 bootstrap replicates in MEGA7 software (Institute for Genomics and Evolutionary Medicine, Temple University, Philadelphia, PA, USA).

Yeast two-hybrid (Y2H) and glutathione S-transferase (GST)-pulldown experiments

For validating the protein interactions, prey and bait vectors containing genes as indicated in the figures were co-transformed into Y-2HGOLD chemically competent cells. Positive yeast clones containing two plasmids were selected from SD/-Trp-Leu medium (#630494; Clontech, Terra Bella Avenue Mountain View, CA, USA) and were re-plated on SD/-Trp-Leu and SD/-Trp-Leu-His-Ade medium (#630494; Clontech).

After codon optimization and synthesis, the CDSs of *ScPEPR1-N* and *SsPE14* were ligated into plasmids, generating pCzn1-*ScPEPR1-N* and pGEX-4T-1-*SsPE14*, which were transformed into *Escherichia coli* strain BL21. The histidine (HIS)- and GST-tagged proteins were purified and the *in vitro* GST pulldown experiments were performed according to the method of Tarun & Sachs (1996).

Secretory function assay of signal peptide in yeast

The assay was performed mainly based on Xu *et al.* (2019). The sequence of the signal peptide was inserted into the vector

pSUC2T7M13ori and transformed into yeast strain YTK121 (Jacobs *et al.*, 1997). The transformed yeast was plated on the CMD-W (minus tryptophane plates) (Xu *et al.*, 2019), and incubated at 30°C for 3 d in darkness. For invertase secretion assay, transformers were replica plated on YPRAA plates (1% yeast extract, 2% peptone, 2% raffinose and 2 µg ml⁻¹ antimycin A) lacking glucose. The activity of invertase also was determined by reducing 2,3,5-triphenyltetrazolium chloride (TTC) to insoluble red 1,3,5-triphenylmethyl nitrogen (TPF) (Xu *et al.*, 2019).

Confocal images, protein extraction, immunoprecipitation and immunoblotting assay

The transformed *Agrobacterium tumefaciens* (GV3101) cells with plasmids pFastR06-SsPele1-eGFP, pXCSG-SsPele1-mYFP, pXCSG-SsPele1-ΔC-mYFP, pCMABIA1306-ScPEPR1-Flag, pCMABIA1306-ZmPEPR1-Flag, pXCSG-UmPele1-mYFP, pCMABIA1306-ScPEPR1-N-Flag, pCMABIA1300S-ScPEPR1-nYFP, pCMABIA2300S-SsPE14-cYFP, or pCMABIA2300S-SsPE14-Δsp-cYFP were grown at 28°C/200 rpm in lysogeny broth medium supplemented with kanamycin/spectinomycin (50 µg ml⁻¹) and rifampicin (35 µg ml⁻¹). *Agrobacterium* cells were collected and re-suspended in MS salt buffer (MS-salt, plus 200 mM acetosyringone) and injected into *Nicotiana benthamiana* leaves. Confocal images of the fluorescent signal in the *N. benthamiana* leaves were pictured on a laser confocal microscope Leica TCS SP8 (Leica, Wetzlar, Germany) after 48 h of agroinfiltration.

The *N. benthamiana* leaves were collected 48 h postagroinfiltration, ground in liquid nitrogen and lysed in extraction buffer EXB (50 mM Tris pH7.5, 150 mM NaCl, 10% (v/v) glycerol, 2 mM EDTA, 5 mM DTT, protease inhibitor (Roche), 0.1% Triton). Lysates were centrifuged for 15 min at 20 000 g at 4°C. Aliquots of supernatants were used as input samples. Immunoprecipitations (IPs) were conducted by incubating supernatants with 15 µl GFP-Trap beads (#gta-10; ChromoTek, Planegg-Martinsried, Germany) in 1.5 ml tubes for 2 h at 4°C. Beads then were collected by centrifugation at 1000 g and washed four times with extraction buffer. Beads then were heated in 2×Laemmli loading buffer, and the proteins were separated by SDS-PAGE and analyzed by immunoblotting. The antibodies used included anti-GFP (#HT801; Transgen, Beijing, China), anti-HA (#11867423001; Roche), anti-FLAG (#ab1162; Abcam, Cambridge, UK), anti-His (#ab15149; Abcam) and anti-GST (#ab19256; Abcam).

Modified immunoprecipitation for detecting the associations of peptides with ScPEPR1

After 48 h of transient expression in *N. benthamiana* leaves, ScPEPR1-FLAG was extracted in extraction buffer EXB (50 mM Tris pH7.5, 150 mM NaCl, 10% glycerol, 2 mM EDTA, 0.1% Triton X-100, 0.5% DTT and 1% protein inhibitors cocktail) and purified by incubating the supernatants with 15 µl anti-FLAG agarose (#A4596; Sigma) in 1.5 ml tubes for 1 h at 4°C. After centrifugation at 1000 g, the agarose gels were washed four times in extraction buffer and then incubated in 1 µg horseradish peroxidase (HRP)-conjugated anti-His

antibodies (#ab1187; Abcam) and 10 mM his-tagged peptides (his-ScPep1, his-SsPel25, or both of his-ScPep1 and SsPel25) for 1 h at 4°C. The agarose gels then were washed three times in extraction buffer and transferred into a 96-well plate for detecting HRP activity using chemiluminescence substrate (#37069; ThermoFisher, Waltham, MA, USA).

Mitogen-activated protein kinase (MAPK) assays on sugarcane, maize and Arabidopsis

For MAPK activation assays, 1 µM ScPep1 or ZmPep1 with or without 5 µM SsPel25 was added into sugarcane (Wang *et al.*, 2020), maize (Cao *et al.*, 2014) and Arabidopsis (Yoo *et al.*, 2007) protoplasts, respectively. Then 1 µM AtPep1 peptide plus 0.02% silwet-77 was sprayed onto the leaves of 4-wk-old Arabidopsis plants. Total protein samples were collected at the indicated time points and used for immunoblotting with anti-p44/42 MAPK antibody (#4370; Cell Signaling, Danvers, MA, USA) to detect phosphorylation of MAPKs (Suarez-Rodriguez *et al.*, 2007).

Transient expression and reporter assay in protoplasts

The mesophyll tissues of 4-wk-old Arabidopsis col-0 plants were used for protoplast isolation and the transfection with DNA plasmids were performed according to Yoo *et al.* (2007). After that, protoplasts were incubated at room temperature under weak light for 16 h, and then used for protein immune-binding and luciferase assays.

Protoplasts isolated from 4-wk-old Arabidopsis plants were co-transfected with *proFRK1-LUC* along with the indicated constructs as described (Li *et al.*, 2005). At 16 h after transfection, the protoplasts were treated with 1 µM peptides as indicated. The luciferase (LUC) activity was determined at 2 h after the peptide treatments using the luciferase reporter system (#E1500; Promega).

Generation of transgenic *A. thaliana* plants and powdery mildew infection

The *A. tumefaciens* cells (GV3101) containing plasmid pCAMBIA1306_ScPEPR1-FLAG or pCAMBIA1301_SsPE14 were used for floral-dipping to generate the transgenic Arabidopsis lines. For powdery mildew infection, the spores of *Golovinomyces cichoracearum* were blown onto the leaves of the *ScPEPR1*- and *SsPE14*-overexpression lines. At 0, 3, and 5 dpi, leaves were collected for RNA isolation. The leaves at 5 dpi were collected for visualizing fungal structures using trypan blue staining (Frye & Innes, 1998).

Statistical analysis

Statistical analysis of the qRT-PCR data from three biological replicates was done by SPSS STATISTICS (v.22.0.0.0; IBM, Armonk, NY, USA). Using two-tailed Student's *t*-tests, SEs were calculated using the variance and covariance values obtained from the linear model fitting. The expression level was shown as the mean ± SD.

Results

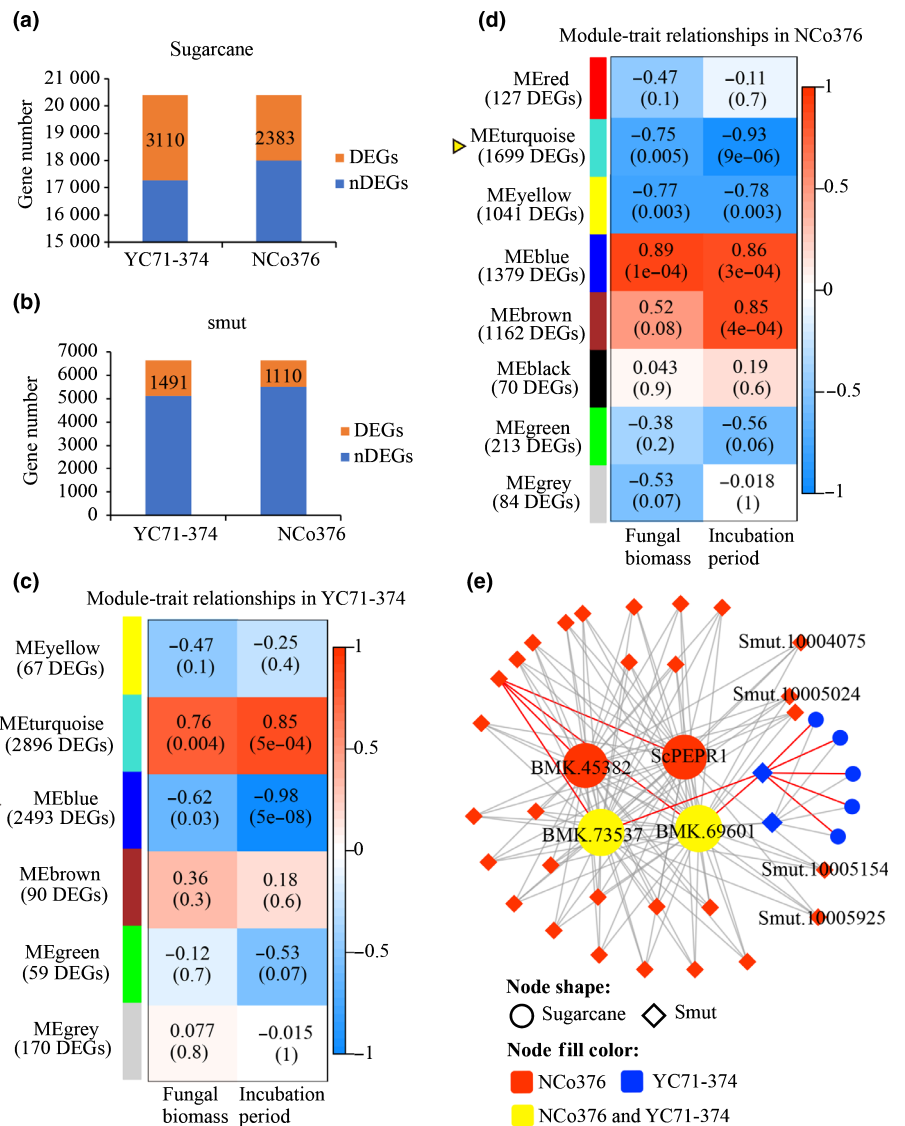
Gene co-expression network during sugarcane–*S. scitamineum* interaction

We used a customized microarray targeting both the representative sugarcane genes and *S. scitamineum* genes to identify the DEGs in the host and the fungus along with the progress of the infections (0, 3, 5 and 7 dpi). The smut fungus grew faster and was more abundant in the susceptible sugarcane cultivar YC71-374 than in the resistant NCo376 (Fig. S1a), confirming the successful *S. scitamineum* infection. There was a uniform gene expression distribution as revealed by a boxplot (Fig. S1b), and all biological replicates had a strong correlation and good repeatable performance ($R^2 \geq 0.90$) (Fig. S1c). Subsequently, compared with the samples at 0 dpi, we identified 3110 sugarcane DEGs in YC71-374 and 2383 DEGs in NCo376 under the smut infection (Fig. 1a). Meanwhile 1491 and 1110 smut DEGs, including 94 putative effector genes, were identified respectively,

after inoculation on YC71-374 and NCo376 (Fig. 1b). As shown in Fig. S2, the expression tendency of 13 DEGs in qRT-PCR analysis was consistent with the microarray results, indicating the high reliability of the microarray data.

We then performed a WGCNA analysis on the microarray data to construct gene co-expression network. It resulted in six and eight co-expression modules in the susceptible YC71-374 (Fig. 1c) and the resistant NCo376 (Fig. 1d), respectively. Notably, both the blue module in YC71-374 and the turquoise module in NCo376 with the lowest *P*-value ($P = 5 \times 10^{-8}$ and $P = 9 \times 10^{-6}$, respectively) were highly and negatively correlated with incubation period ($r = -0.98$ and $r = -0.93$ respectively) and fungal biomass ($r = -0.62$, $P = 0.03$ and $r = -0.75$, $P = 0.005$, respectively) (Fig. 1c,d). We speculated that sugarcane genes in these two modules were likely involved in defense responses, and that their expression was suppressed by *S. scitamineum*. Then, 2959 sugarcane genes and 751 *S. scitamineum* genes from these two modules were grouped together to calculate the connectivity value between genes. The top sugarcane kinase

Fig. 1 Gene co-expression network in sugarcane–*Sporisorium scitamineum* interaction. (a) The total numbers of differentially expressed sugarcane genes in sugarcane susceptible genotype YC71-374 and resistant genotype NCo376 at 3, 5, 7 d postinfection with *S. scitamineum*. DEG, differentially expressed gene; nDEG, not-differentially expressed gene. (b) The total numbers of *S. scitamineum* DEGs at 3, 5, 7 d postinfection in sugarcane YC71-374 and NCo376. (c, d) Module (DEG matrix)-trait associated analysis bases on the correlation of the fungal biomass of *S. scitamineum* and incubation period with the expression level of the DEGs (from both sugarcane and smut) in YC71-374 (c) and in NCo376 (d). The table exhibits modules in rows and traits in columns (fungal biomass and incubation period). The corresponding correlation value *r* and *P*-value (in closing bracket) between row and column was shown in the color cell. The cell color was correlated to *r*-value indicated by the color legend on the right, while the color legend on the left represented the row name. ME, module eigengenes. (e) Weighted gene co-expression network between the top sugarcane kinase DEGs and smut secreted protein genes. The four biggest dots in the network represent sugarcane *mitogen-activated protein kinase kinase kinase A* (MAPK, BMK.45382), *mitogen-activated protein kinase* (BMK.69601), *receptor-like serine/threonine-protein kinase* (BMK.73537) and *plant elicitor peptide receptor1* (PEPR1) gene. The red line indicates the positive correlation between genes, whereas the grey line indicates the negative correlation. The size of node reflects the number of connections.



genes and smut effector genes with the highest connectivity value subsequently were selected to construct the gene co-expression network, where the genes with a WGCNA edge weight > 0.15 were connected with lines (Fig. 1e). The four biggest dots represented sugarcane genes: *mitogen-activated protein kinase kinase kinase A* (BMK.45382), *mitogen-activated protein kinase* (BMK.69601), *receptor-like serine/threonine-protein kinase* (BMK.73537) and *plant elicitor peptide receptor1* (*ScPEPR1*, BMK.75743). As PEPR1-signaling is an important component in plant immune system (Tang & Zhou, 2016), we focused on the *ScPEPR1* gene for further analysis here (studies on other three genes will be reported elsewhere). The expression of *ScPEPR1* was decreased in either NCo376 or YC71-374 after *S. scitamineum* infection, which accorded with the results of our microarray data (Fig. S2).

ScPEPR1 is a phylogenetical ortholog to Arabidopsis PEPR1

The protein sequence analysis showed that ScPEPR1 contains N-terminal extracellular LRR domain (a LRRNT_2, a LRR1 and a LRR8), a transmembrane domain and a C-terminal cytoplasmic kinase domain, sharing the closest relationship to PEPR1s from *Sorghum bicolor* and *Zea mays* (Fig. S3a). The alignment of protein sequence showed that PEPR1 and its ortholog protein share 68.78% identity in amino acid sequence (Fig. S3b). And we confirmed that as a PRR receptor, YFP fused ScPEPR1 had a membrane localization in the leaf cells when transiently expressed in *N. benthamiana* (Fig. S3c).

We expressed ScPEPR1 under the control of the constitutive 35S promoter (*35S-ScPEPR1*) in Arabidopsis. Compared to the expression of endogenous *AtPEPR1* in the control transgenic line (transformed with empty vector), *ScPEPR1* were highly expressed in the *35S-ScPEPR1* lines (Fig. S4a). We found that the *35S-ScPEPR1* lines showed fewer fungi and significantly fewer conidiophores on the leaves infected with powdery mildew *G. cichoracearum* at 5 dpi than the control line (Fig. S4b,c). The fungal-induced expression of the defense-related gene *AtWRKY33* (Gravino *et al.*, 2017) (Fig. S4d) and the SA-induced gene *AtPR5* (Sun *et al.*, 2018) (Fig. S4e) were higher in *35S-ScPEPR1* lines than in the control line at 3 and 5 dpi. We concluded that overexpression of the sugarcane *ScPEPR1* gene in Arabidopsis enhances plant resistance to powdery mildew. Thus, *ScPEPR1* gene is a structural, phylogenetic orthologous to Arabidopsis *PEPR1* and is functional in plant immunity.

ScPEPR1 interacts with *S. scitamineum* effector SsPE14

We then tested the possible interactions between ScPEPR1 and the *S. scitamineum* putative effectors (SsPEs) in the WGCNA co-expression network (Fig. 1e; Table S4). In the Y2H assay, ScPEPR1 specifically interacted with SsPE14 (smut.10005024) (Fig. 2a). In the following protein truncation tests, we found that the N-terminal extracellular LRR domain (ScPEPR1-N) but not the C-terminal cytoplasmic kinase domain (ScPEPR1-C) of ScPEPR1 interacted with SsPE14 (Fig. 2b).

In order to further examine the protein interactions *in vivo*, co-immunoprecipitation (co-IP) assays were performed after transient expression of YFP-tagged SsPE14 and FLAG-tagged ScPEPR1 or ScPEPR1-N in *N. benthamiana*. As shown in Fig. 2(c,d), ScPEPR1-FLAG or ScPEPR1-N-FLAG was co-purified with SsPE14-YFP, rather than with the YFP control. Furthermore, in an *in vitro* pull-down assay, the direct interaction between SsPE14-GST and ScPEPR1-N-His also was observed (Fig. 2e). Together, these results demonstrated that SsPE14 interacts with ScPEPR1 by its N-terminal LRR domain.

As SsPE14 interacts with extracellular LRR domain of ScPEPR1, we intended to visualize the subcellular location of the protein complexes formed by the two proteins using bimolecular fluorescence complementation (BiFC) assay. For this, N-terminal YFP (nYFP) was fused to ScPEPR1 by its N-terminus (nYFP-ScPEPR1) and C-terminal YFP (cYFP) was fused to SsPE14 by its C-terminus (SsPE14-cYFP). Yellow fluorescence was observed on the cytoplasmic membrane of the leaf cells upon transient co-expression of nYFP-ScPEPR1 and SsPE14-cYFP in *N. benthamiana*, suggesting that ectopically expressed SsPE14 could be localized to the apoplast space, where it interacts with extracellular LRR domain of ScPEPR1 (Fig. 2f).

SsPE14 is a plant elicitor peptide-like effector

The expression of *SsPE14* is strongly induced during smut infection (Fig. 3a), suggesting that it might play an important role in promoting virulence of *S. scitamineum*. In the NCBI database, two orthologs of SsPE14 in *Sporisorium* species, four in *Ustilago* species, one in *Pseudozyma* species and two in *Moesziomyces* species were found through BLASTP tool. Phylogenetic tree analysis showed that SsPE14 was closely related to two orthologs from *Sporisorium* (Fig. 3b). SsPE14 is likely a secreted protein without a conserved domain in the NCBI database (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/Structure/cdd/wrpsb.cgi>) (Que *et al.*, 2014a). It also is predicted to be an effector protein (Ratio 0.739) by EFFECTORP (<http://effectorp.csiro.au/>). Thus, SsPE14 might be a conserved effector protein in smut fungi species.

SsPE14 has a predicted signal peptide on its N-terminus. To functionally validate it, we used a genetic assay based on the requirement of invertase secretion for yeast cells to grow on media containing raffinose as sole carbon source. The predicted signal peptide sequence of *SsPE14* was fused in-frame to the yeast invertase gene in the vector pSUC2T7M13ori (Xu *et al.*, 2019). The invertase mutant yeast strain YTK121 transformed with pSUC2T7M13ori-*SsPE14* construct grew on the YPRAA medium (sucrose was replaced by raffinose, the YTK121 can grow only when invertase is secreted) (Fig. 3c). The invertase secretion was further confirmed using an enzymatic activity assay based on invertase-mediated conversion of the colorless dye TTC into the insoluble red colored triphenylformazan (Fig. 3c). These results demonstrated that the signal peptide of SsPE14 is functional and SsPE14 is a secreted protein.

Next, a BiFC experiment was performed to test interaction between nYFP-ScPEPR1 and SsPE14- Δ sp-cYFP whose secretion signal peptide has been deleted. We found that SsPE14- Δ sp-

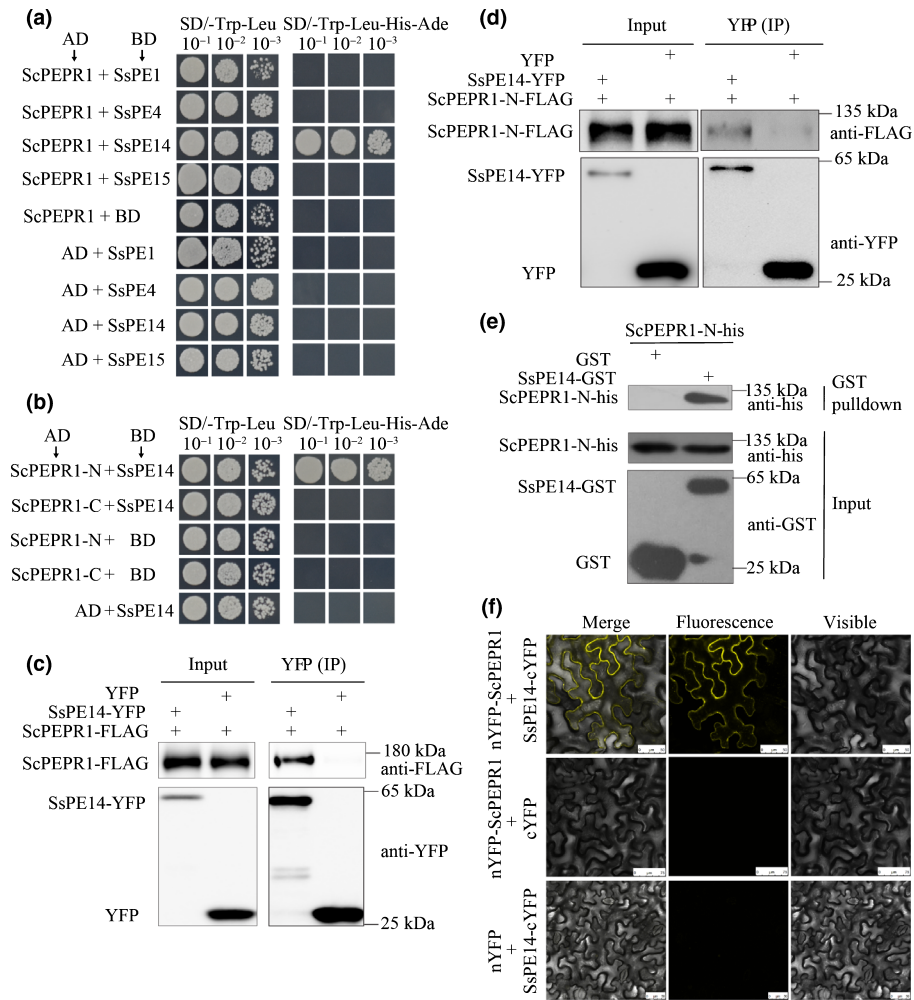


Fig. 2 Sugarcane PLANT ELICITOR PEPTIDE RECEPTOR1 (ScPEPR1) interacts with the smut effector SsPE14. (a) ScPEPR1 interacts with SsPE14 in yeast. The activation domain (AD) and DNA binding domain (BD) plasmids containing the indicated genes were co-transformed into yeast strain Y-2-Hgold and screened on synthetic dextrose dropout (SD) media lacking Leu and Trp (SD/-Leu-Trp). The single colonies were serially diluted and spotted onto SD/-Leu-Trp and SD/-Leu-Trp-His-Ade to observe the yeast cell growth. Yeast co-transformed with AD-largeT + BD-p53 or AD-largeT + BD-laminC served as a positive control and negative control, respectively. EV, empty vector. SsPE1/4/14/15, *Sporisorium scitamineum* putative effector1/4/14/15. (b) The interaction between ScPEPR1 and SsPE14 in *Nicotiana benthamiana*, revealed by bimolecular fluorescence complementation assay. The *N. benthamiana* leaves were co-infiltrated with 35S:nYFP-ScPEPR1 and 35S:SsPE14-cYFP. Images were captured by a confocal microscope 2 d after *Agrobacterium tumefaciens* transformation. Bar, 10 μ m. (c) Co-immunoprecipitation (co-IP) analysis of interactions between ScPEPR1-FLAG and SsPE14-YFP in *N. benthamiana* leaves. Proteins in total extracts (Input) and after IP with GFP-trap beads (IP (YFP)) were detected on immunoblots using α -FLAG or α -GFP antibodies. GFP/YFP, green/yellow fluorescent protein. (d) SsPE14 interacts with N-terminal LRR domain of ScPEPR1 (ScPEPR1-N), but not with the C-terminal of ScPEPR1 (ScPEPR1-C) in yeast. The experiment was performed according to the same procedure in (a). (e) SsPE14 interacts with the ScPEPR1-N, revealed using glutathione S-transferase (GST) pull-down assays. The recombinant ScPEPR1-N-his and SsPE14-GST proteins purified from *Escherichia coli* BL21 strain were subjected to a GST pull-down analysis. Proteins in input and pull-down were detected on immunoblots using α -his or α -GST antibodies. (f) Co-IP analysis of interactions between SsPE14-YFP and ScPEPR1-N-FLAG in *N. benthamiana* leaves. Proteins in total extracts (Input) and after IP with GFP-trap beads (IP (YFP)) were detected on immunoblots using α -FLAG or α -GFP antibodies. These experiments were repeated at least three times with similar results.

cYFP did not interact with nYFP-ScPEPR1 (Fig. S5). This result indicates that SsPE14 must be secreted into apoplastic space for interaction with ScPEPR1 LRR domain.

The C-terminal Pep1 like domain is required for SsPele1 to interact with ScPEPR1

The interaction between the SsPE14 and the extracellular LRR domain of ScPEPR1 (Fig. 2d–f) is reminiscent of the perception of

Arabidopsis AtPep1 by AtPEPR1 (Yamaguchi *et al.*, 2006; Tang *et al.*, 2015). We wondered whether there was a sequence similarity between SsPE14 and plant elicitor peptides. Hence, the conserved amino acid residues from the plant elicitor peptides and fungal orthologs of SsPE14 were aligned (Figs 3d, S6). We found that the C-terminal 26 amino acids of SsPE14 (149–174 aa) and its orthologs had several conserved sites compared with the plant elicitor peptides (Peps) (Fig. 3d). Hereafter, the SsPE14 was renamed as SsPele1 (*S. scitamineum* plant elicitor peptide-like effector 1).

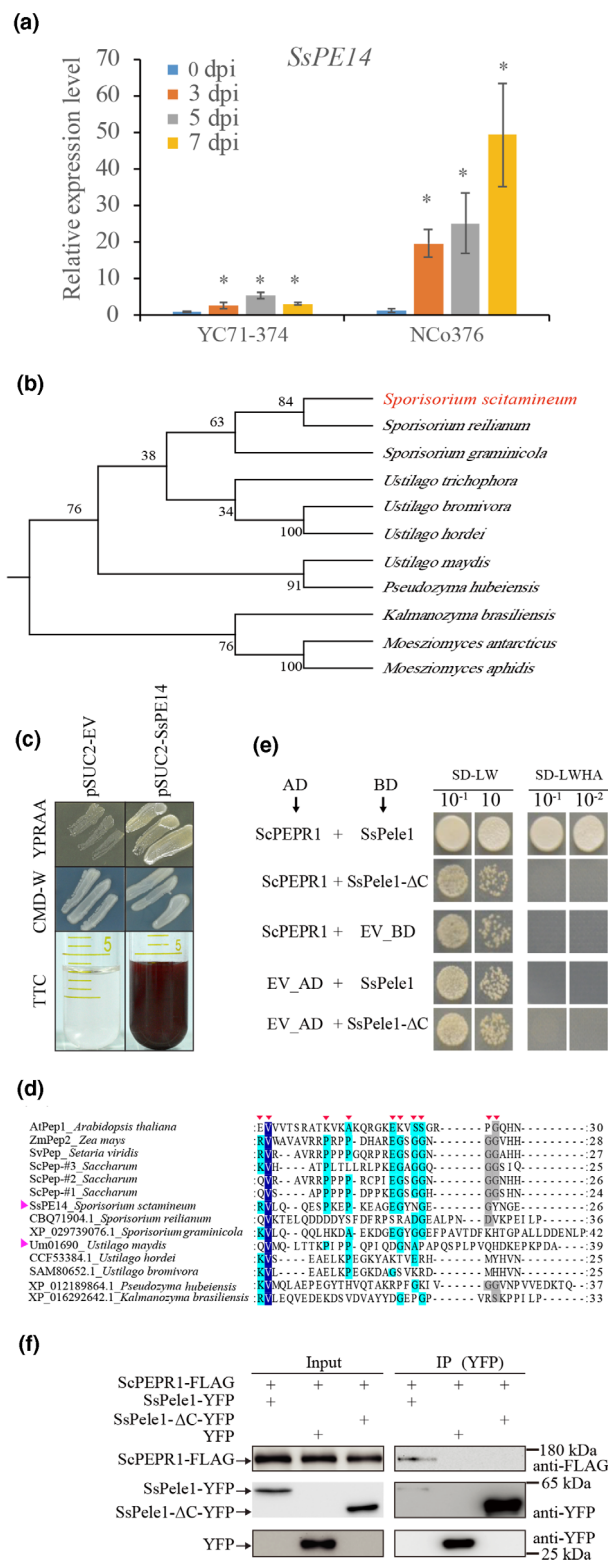


Fig. 3 The characterization of the smut fungal effector SsPE14. (a) Quantitative real-time PCR analysis of expression of *Sporisorium scitamineum* effector SsPE14 in sugarcane genotypes YC71-374 and NCo376 at indicated time points. The bars indicate relative fold-change \pm SD ($n = 3$) compared to 0 dpi. *indicates a significant difference between the 0 dpi, and 3, 5 or 7 dpi ($P < 0.05$) determined by Student's t -test. dpi, d postinoculation. (b) Phylogenetic analysis of SsPE14 and its orthologs from *Sporisorium graminicola*, *Sporisorium reilianum*, *Ustilago maydis*, *Ustilago trichophora*, *Ustilago bromivora*, *Ustilago hordei*, *Pseudozyma hubeiensis*, *Moesziomyces antarcticus*, *Moesziomyces aphidis* and *Kalmanozyma brasiliensis*; Numbers at the branches indicate bootstrap values. The accession number of the sequences used in the present study can be found in Supporting Information Table S3. (c) Experimental validation of the signal peptide of SsPE14 using the yeast invertase secretion assay. Yeast YTK121 strains carrying the SsPE1 fused in frame to the invertase gene in the pSUC2 vector can grow in the CMD-W media (with sucrose) and YPAA media (with raffinose instead of sucrose, growth only when invertase is secreted). The secreted invertase also can reduce triphenyltetrazolium chloride (TTC) to red formazan. The negative control was YTK121 strains carrying the pSUC2 vector. (d) The alignment of the conserved amino acid sequences of plant elicitor peptides (Arabidopsis AtPep1, maize ZmPep2, green foxtail SvPep and sugarcane ScPep-#1/#2/#3) and the fungal homologs of SsPep1 (from *S. reilianum*, *S. graminicola*, *U. maydis*, *U. hordei*, *U. bromivora*, *P. hubeiensis*, and *K. brasiliensis*) obtained from the NCBI database (Table S3). The highly conserved sites are colored and marked with red triangle symbol on the top row. SsPep1 and UmPep1 (Um01690) marked with purple triangle symbol. The accession number of the sequences used in the present study can be found in Table S3. (e) ScPEPR1 interacts with SsPep1 and SsPep1- Δ C in yeast. SsPep1- Δ C is the fragment of SsPep1 with deletion of 68 residues in its C-terminus. The activation domain (AD) and binding domain (BD) plasmids containing the indicated genes were co-transformed into yeast strain Y-2-Hgold and screened on synthetic dextrose dropout media lacking Leu and Trp (SD/-Leu-Trp). The single colonies were serially diluted and spotted onto SD/-Leu-Trp and SD/-Leu-Trp-His-Ade to observe the yeast cell growth. Yeast co-transformed with AD-largeT + BD-p53 or AD-largeT + BD-laminC served as a positive control and negative control, respectively. EV, empty vector. Three independent experiments gave consistent results. (f) Co-immunoprecipitation (co-IP) analysis of interactions between ScPEPR1-FLAG and SsPep1- Δ C-YFP in *Nicotiana benthamiana* leaves. Proteins in total extracts (Input) and after IP with GFP-trap beads (IP (YFP)) were detected on immunoblots using α -FLAG or α -GFP antibodies. These experiments were repeated at least three times with similar results. GFP/YFP, green/yellow fluorescent protein.

experiments (Fig. 3e). Consistently, SsPep1- Δ C-YFP did not interact with ScPEPR1-FLAG in Co-IP experiments (Fig. 3f). These data demonstrate that Pep1 like domain of SsPep1 is required for its association with ScPEPR1.

ScPep1-, but not SsPep1-, perception by ScPEPR1 induces immune responses

Three orthologs of AtPep1 (NP_569001.1) in sugarcane were identified by protein blast against our RNA-seq data (SRP192749) and the published genomic data (*S. spontaneum*, GCA_003544955.1). The sugarcane Peps, namely ScPep-#1, ScPep-#2 (ScPep1) and ScPep-#3 (Table S3), were aligned with the plant elicitor peptides (AtPep1 from Arabidopsis, ZmPep2 from maize and SvPep from *Setaria viridis*, Table S3) to assess their similarity. Clearly, the sugarcane Peps contain the conserved

We then tested whether SsPep1 interacts with ScPEPR1 through its C-terminal Pep1 like domain using Y-2-H and Co-IP assays. We found that deletion of Pep1 like motif (SsPep1- Δ C) in SsPep1 abolished its association with ScPEPR1 in Y-2-H

amino acids in their C-terminus compared with known plant Peps (Figs 3d, S6).

In order to test activity of the putative sugarcane Pep1 candidates, we synthesized three peptides of ScPeps, ScPep-#1, ScPep-#2 and ScPep-#3, and monitored their ability for induction of *proFRK1-LUC* in an Arabidopsis protoplast, which is a transient reporter system widely used in studying PTI signaling (Asai *et al.*, 2002). *FRK1* encodes a receptor-like kinase that is rapidly induced by PAMPs (Asai *et al.*, 2002). When co-expressing with ScPEPR1, ScPeps, especially ScPep-#2, strongly induced the expression of *proFRK1-LUC* (Fig. 4a). Thus, we named it as ScPep1. ScPep1 could not induce *proFRK1-LUC* expression in the absence of *ScPEPR1* (Fig. 4b), indicating that ScPep1 is

specifically perceived by ScPEPR1, but not by AtPEPR1 in Arabidopsis protoplasts. Strikingly, the 25-amino-acid-peptide from SsPep1 C-terminal Pep1 like domain (SsPel25) (Fig. 3d) did not induce *proFRK1-LUC* reporter (Fig. 4a), despite its sequence similarity to plant Peps.

SsPel25 inhibits ScPep1-induced immune responses

The interaction of SsPep1 with ScPEPR1 (Fig. 2) without activating the ScPEPR1-mediated *FRK1* expression (Fig. 4a) promoted us to test whether it suppresses ScPEPR1-signaling. We found that the co-application of SsPel25 peptide significantly suppressed the ScPep1-induced expression of the *proFRK1-LUC*

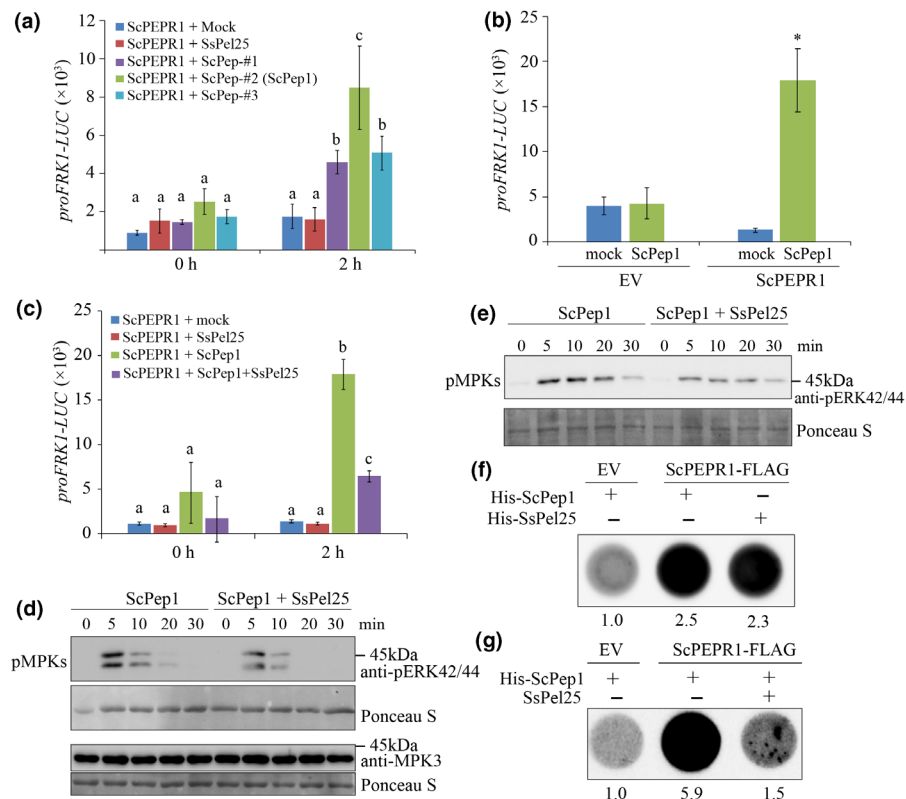


Fig. 4 The smut effector SsPep1 suppresses sugarcane peptide1 (ScPep1)-induced immune responses. (a) Sugarcane ScPep1 candidates induce *proFRK1-LUC* expression in Arabidopsis protoplasts. The Arabidopsis ecotype Col-0 protoplasts were transfected with *proFRK1-LUC* along with *ScPEPR1*. Sixteen hours later, the protoplasts were treated with 0.2 μ M ScPep1-#1, #2, #3, or the 25-amino-acid peptide from SsPep1 (SsPel25), then the *LUC* reporter activity was determined 2 h later (*LUC*, luciferase). Error bars indicate the SD. Different letters indicate statistical significance ($P \leq 0.01$) determined by one-way ANOVA followed by Tukey's honestly significant difference (HSD) tests. (b) ScPep1-induced *proFRK1-LUC* expression is dependent on sugarcane *PLANT ELICITOR PEPTIDE RECEPTOR1* (*ScPEPR1*). Col-0 protoplasts were transfected with *proFRK1-LUC* along with *ScPEPR1* or the empty vector (EV). Sixteen hours later, the protoplasts were treated with 0.2 μ M ScPep1 for another 2 h, and the *LUC* reporter activity was determined. * indicate statistical significance ($P \leq 0.01$) to the mock determined by one-way ANOVA followed by Tukey's HSD tests. (c) The SsPel25 peptide inhibits ScPep1-induced *proFRK1-LUC* expression. Col-0 protoplasts were transfected with *proFRK1-LUC* along with *ScPEPR1*. The assays were done as in (a). (d, e) SsPel25 suppresses ScPep1-induced phosphorylation of MAPKs (pMPKs). Col-0 (d) and sugarcane (e) protoplasts expressing *ScPEPR1* were treated with 1 μ M ScPep1 or ScPep1 plus 2 μ M SsPel25, and total protein extracts were prepared at the indicated time points. The phosphorylation of MAPKs was detected on an immunoblot probed with anti-p44/42 MAPK antibody. (f, g) His tagged ScPep1 and SsPel25 peptides associate with ScPEPR1-FLAG (f), and SsPel25 competes the interaction between His-ScPep1 and ScPEPR1-FLAG (g). The transient expression of ScPEPR1-FLAG samples extracted and purified from *Nicotiana benthamiana* leaves with anti-FLAG agarose, and then then incubated in 1 μ g horseradish peroxidase (HRP)-conjugated anti-His antibodies (Abcam; #ab1187) and 10 mM his-tagged peptides or no tagged peptides (his-ScPep1, his-SsPel25, or both of his-ScPep1 and SsPel25). The agarose gels then were washed three times in extraction buffer and transferred into a 96-well plate for detecting HRP activity using chemiluminescence substrate (ThermoFisher; #37069). The dot intensity indicates the interactions between ScPEPR1-FLAG and His-tagged peptides. These experiments were repeated at least three times with similar results.

reporter in the Arabidopsis protoplasts expressing ScPEPR1 (Fig. c). In the same protoplasts, we examined the ScPep1-induced phosphorylation of MAPKs, an early event in PTI responses, with or without SsPel25. As shown in Fig. 4(d), the ScPep1-induced transient phosphorylation of MAPKs was reduced in the presence of SsPel25. Furthermore, we examined whether SsPel25 inhibits ScPep1-induced phosphorylation of MAPKs on sugarcane. Consistently, we found co-application of SsPel25 significantly suppressed ScPep1-induced phosphorylation of MAPK on sugarcane protoplasts (Fig. 4e). Moreover, application of SsPel25 promoted *S. scitamineum* propagation on sugarcane sheath tissue (Fig. S7). Together, these results indicated that SsPel25 inhibits ScPep1-induced immune responses.

SsPel25 competes with ScPep1 to bind to ScPEPR1

We then sought to examine whether SsPel25 competes with ScPep1 for perception by ScPEPR1. First, the FLAG-tagged protein ScPEPR1-FLAG or an empty vector as control was transiently expressed in *N. benthamiana* and total protein extracts were incubated with anti-FLAG agarose. After washing, the anti-FLAG agarose binding ScPEPR1-FLAG were incubated with mock, the 6× his-tagged peptides His-ScPep1 or His-SsPel25, respectively, plus anti-His-HRP antibody for detecting the presence of his-tagged peptides in the immune-complexes in 96-well plates (details in the Materials and Methods section). Both His-ScPep1 and His-SsPel25 were detected in the ScPEPR1-FLAG immune-complexes (Fig. 4f), indicating that both peptides bound with ScPEPR1. To check for competition between ScPep1 and SsPel25 for binding to ScPEPR1, the ScPEPR1-FLAG-binded anti-FLAG agarose was incubated with His-ScPep1 in the absence or presence of un-tagged SsPel25. As shown in Fig. 4(g), the presence of SsPel25 greatly reduced the signal of His-ScPep1 in the immune-complexes, suggesting that SsPel25 indeed competed the association between ScPep1 and ScPEPR1.

Overexpression of *SsPele1* in Arabidopsis suppresses AtPep1-induced immunity

We generated transgenic Arabidopsis lines expressing *SsPele1* driven by 35S promoter (*35S-SsPele1*). As AtPep1 is perceived by AtPEPR1 in Arabidopsis, we questioned whether *SsPele1* interacts with and interferes with AtPEPR1 activation. Co-IP experiments in *N. benthamiana* showed that *SsPele1* also interacted with AtPEPR1 *in planta* (Fig. 5a). We then evaluated the plant immune responses to AtPep1 in the transgenic lines. First, AtPep1-induced activation of MAPKs was examined. The leaves of 4-wk-old plants were treated with 1 μM AtPep1, and the total protein was collected at the indicated time points (Fig. 5b). The immunoblots with an anti-pERK antibody showed that the AtPep1-induced transient phosphorylation of MAPKs was reduced in the *35S-SsPele1* lines than in the control line (Fig. 5b). We next examined the AtPep1-induced production of ROS,

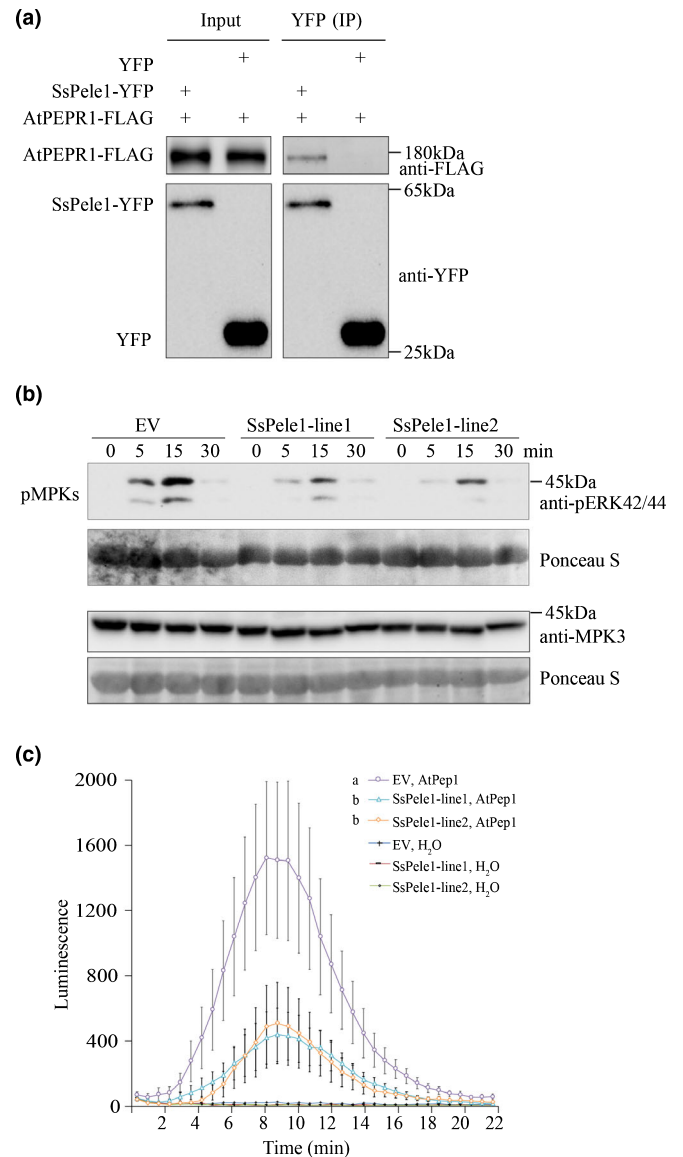


Fig. 5 Overexpression of smut effector gene *SsPele1* in Arabidopsis suppresses peptide1 (AtPep1)-induced immunity. (a) Co-immunoprecipitation (co-IP) analysis of the interactions between *SsPele1*-YFP and AtPEPR1-FLAG in *Nicotiana benthamiana*. Proteins in total extracts (Input) and after IP with GFP-trap beads (IP (YFP)) were detected on immunoblots using anti-FLAG or anti-GFP antibodies (GFP/YFP, green/yellow fluorescent protein). (b) AtPep1-induced phosphorylation of mitogen-activated protein kinases (MAPKs) on *ScPele1* transgenic line1/2 and empty-vector (EV) transgenic line. Total protein extracts were prepared from leaves of 4-wk-old transgenic Arabidopsis lines expressing *SsPele1* or an EV after 1 μM AtPep1 treatment. The phosphorylation of MAPKs was detected on an immunoblot probed with anti-p44/42 MAPK antibodies. Ponceau staining of the blot shows equal sample loading. (c) AtPep1-induced H₂O₂ production was reduced in the *SsPele1* transgenic lines. The results shown are representative of three independent experiments. Each data point consists of six to eight replicates. Values are means ± SD. Different letters indicate statistical significance ($P < 0.01$) determined by one-way ANOVA followed by Tukey's honestly significant difference. These experiments were repeated three times with consistent results.

another typical PTI response, in the *35S-SsPele1* lines. As shown in Fig. 5(c), the AtPep1-induced ROS were compromised in the *35S-SsPele1* lines compared with the control line. Together, these results indicated that overexpression of *SsPele1* in Arabidopsis suppresses AtPep1-induced immune responses.

Ustilago maydis effector UmPele1 interacts with ZmPEPR1 and suppresses ZmPEPR1-mediated immunity

Ustilago maydis has an *SsPele1* ortholog effector gene, *Um01690* (Schilling *et al.*, 2014) (Fig. 3d). The deletion of *Um01690* impaired fungal tumor induction on maize seedling leaves (Schilling *et al.*, 2014), indicating Um01690 is an important effector for fungal pathogenicity. Um01690 protein sequence shows high similarity to SsPele1 with conserved secretion signal peptide and C-terminal Pep1 like domain (Fig. 6a). Thus, we renamed Um01690 to UmPele1. We then tested whether UmPele1 interacts with ZmPEPR1 using Co-IP assay in *N. benthamiana*. As shown in Fig. 6(b), ZmPEPR1-FLAG was co-purified with YFP-UmPele1 but not with YFP control, showing that UmPele1 interacts with ZmPEPR1 *in planta*.

We then assessed whether UmPele1 suppresses ZmPEPR1-mediated immunity. ZmPep1 was synthesized and used to activate immunity in maize protoplasts. We also synthesized the 25 amino acid peptide of the UmPele1 C-terminal Pep1 like domain (highlighted by red triangle in Fig. 6(a), named as UmPel25). In maize protoplasts, co-application of UmPel25 partially suppressed ZmPep1-induced phosphorylation of ZmMAPK (Fig. 6c). We conclude that like the *S. scitamineum* effector SsPele1, *U. maydis* effector UmPele1 promotes fungal virulence at least partly by interacting with ZmPEPR1 and inhibiting activation of ZmPEPR1.

Discussion

Here we show that the smut fungal effector SsPele1 and its ortholog UmPele1 contain a plant elicitor peptide-like motif in its C-terminus (Fig. 3e), by which SsPele1 interacts with the extracellular leucine-rich repeat (LRR) domain of sugarcane PLANT ELICITOR PEPTIDE RECEPTOR1 (ScPEPR1), and completes ScPep1 perception, resulting in the inhibition of ScPEPR1-mediated defense responses (Fig. 7). This reveals a novel mechanism whereby a pathogenic fungal effector simulates a nonfunctional host-endogenous signal peptide to suppress plant defense responses. Our work also contributes a first mechanistically study on a sugarcane smut fungal effector.

Plant PEPRs are LRR kinases and receptors for endogenous peptides (Peps) (Yamaguchi *et al.*, 2006, 2010; Ross *et al.*, 2014; Tang & Zhou, 2016; Xu *et al.*, 2018). The PEPR immune signaling is engaged in PTI and is required for systemic acquired resistance in Arabidopsis and tomato (Huffaker *et al.*, 2006; Yamaguchi *et al.*, 2010; Ross *et al.*, 2014; Yamada *et al.*, 2016; Xu *et al.*, 2018). In tomato, a PEPR1 ortholog is required for systemin-mediated resistance to the necrotrophic fungus *Botrytis cinerea* (Xu *et al.*, 2018). In maize (*Zea Mays*), ZmPep1 induces the expression of defense-related genes, the accumulation of plant

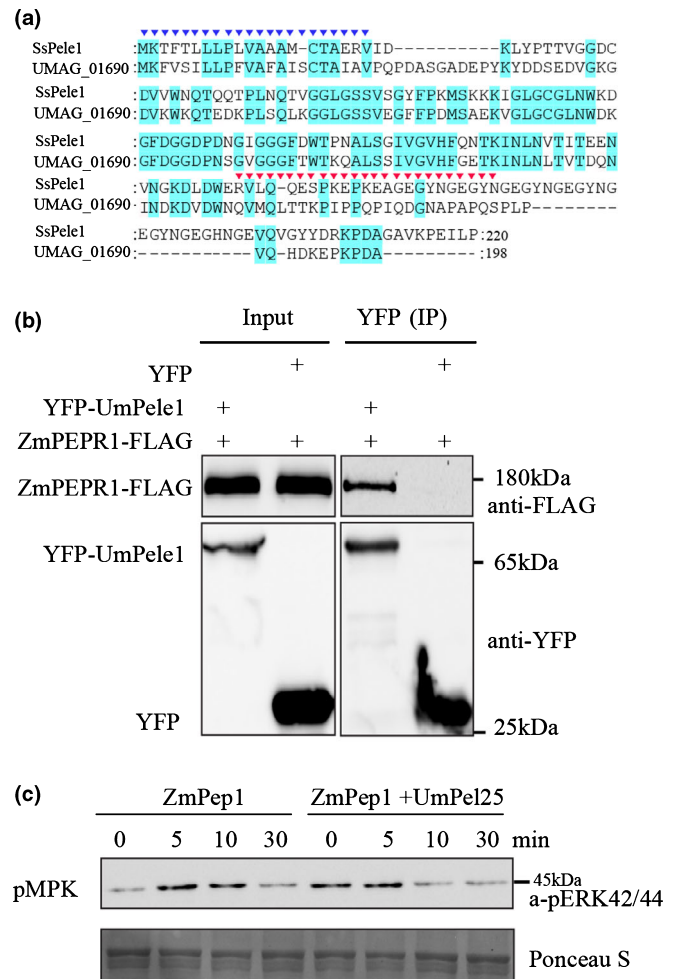


Fig. 6 Smut effector SsPele1's ortholog, UmPele1, interacts with maize PLANT ELICITOR PEPTIDE RECEPTOR1 (ZmPEPR1) and suppresses immune responses. (a) The alignment of *Ustilago maydis* ortholog (um01690, Supporting Information Table S3) and SsPele1. The N-terminal amino acids representing the signal peptide and the C-terminal conserved residues were marked in blue triangle symbol and red triangle symbol, respectively. The accession number of the sequences used in the present study can be found in Table S3. (b) Co-immunoprecipitation (co-IP) analysis of interactions between (*Zea mays*) ZmPEPR1-FLAG and UmPele1-YFP in *Nicotiana benthamiana* leaves. Proteins in total extracts (Input) and after IP with GFP-trap beads (IP (YFP)) were detected on immunoblots using α -FLAG or α -GFP antibodies (GFP/YFP, green/yellow fluorescent protein). (c) UmPel25 suppresses ZmPep1 induced phosphorylation of mitogen-activated protein kinases (MAPKs). Maize protoplasts expressing ZmPEPR1 were treated with 1 μ M ZmPep1 or 1 μ M ZmPep1 plus 2 μ M UmPel25, and total protein extracts were prepared at the indicated time points. The phosphorylation of MAPKs was detected on an immunoblot probed with anti-p44/42 MAPK antibody. These experiments were repeated at least three times with similar results.

defense related hormones, and resistance to pathogens (Huffaker *et al.*, 2011). We found that the overexpression of *ScPEPR1* in Arabidopsis enhanced resistance to the biotrophic fungal pathogen and promoted the expression of the defense-related genes *AtWRKY33* and *AtPR5* (Fig. S3), indicating that ScPEPR1 is a positive regulator in plant immunity. The targeting of ScPEPR1 by the effector SsPele1 indicates its importance in

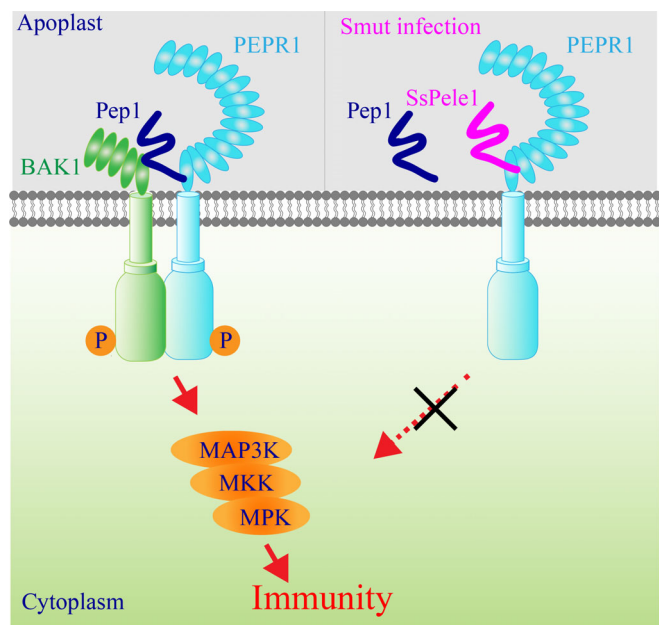


Fig. 7 A model for the suppression of the PLANT ELICITOR PEPTIDE RECEPTOR1 (PEPR1)-signaling by the smut effector SsPele1. The plant peptide (Pep1) perception induces heterodimerization and transphosphorylation of receptor kinases PEPR1 and the co-receptor BAK1 (Bri1-associated kinase 1). Then the activated PEPR1–BAK1 complexes induce the activation of mitogen-activated protein kinase (MAPK) cascades through a series of phosphorylation events, resulting in the activation of PAMP-triggered-immunity (PTI). During the infection, the smut fungus *Sporisorium scitamineum* delivers effector SsPele1 to host apoplast, where the SsPele1 competitively binds to the extracellular domain of PEPR1 to suppress PEPR1-mediated immune responses.

resistance to smut fungi. Further genetic studies, such as the over-expression or knock-down of *ScPEPR1* in sugarcane, would illustrate the biological importance of *ScPEPR1* in resistance to smut disease.

Ustilago maydis effector UmPele1, an ortholog of SsPele1, has been shown to be required for *U. maydis* infection in maize (Schilling *et al.*, 2014). Here, we found that SsPele1 directly interacted with ScPEPR1 (Figs 2, 3), and UmPele1 interacted with ZmPEPR1 (Fig. 6). With a functional secretion signal, SsPele1 is a secreted protein and interacts with the extracellular LRR domain of ScPEPR1 to interfere with ScPep1-mediated defense in apoplasts (Figs 3, S5). Moreover, SsPel25 could promote growth of *Sporisorium scitamineum* on sugarcane sheath (Fig. S7). Thus, as a conserved smut fungal effector, SsPele1 contributes to the virulence of *S. scitamineum*.

Interestingly, the C-terminus of SsPele1 and UmPele1 show a certain sequence similarity to several known plant Peps (Fig. 3d). As the extracellular domains of cell surface receptors function as interaction platforms and regulatory modules of receptor activation (Jaillais *et al.*, 2011; Belkhadir *et al.*, 2014), we investigated the biological relevance between ScPEPR1^{LRR} and SsPele1 using a well-established reporter system in Arabidopsis protoplasts (Yoo *et al.*, 2007). We found that ScPep1-, but not SsPele1-, was perceived by ScPEPR1 to induce immune responses (Figs 3e,f, 4a, b). Besides, SsPel25 competes with ScPep1 to bind to ScPEPR1

and inhibits ScPep1-induced immune responses (Fig. 4). Furthermore, transgenic Arabidopsis overexpressing *SsPele1* exhibited reduced AtPep1-induced early immune responses (Fig. 5). Taken together, these results allow us to present a working model for SsPele1 as shown in Fig. 7: During *S. scitamineum* infection, SsPele1 is induced and delivered to sugarcane apoplasts, where it competes with endogenous ScPep1 to interact with ScPEPR1, inhibiting ScPEPR1-mediated immune responses.

It is interesting that both ScPep1 and SsPele1 interact with ScPEPR1; however, ScPep1 triggers the activation of ScPEPR1 signaling, whereas SsPele1 does not. The underlying mechanisms remain elusive. In Arabidopsis, AtPep1 perception by AtPEPR1 leads to the stable association of AtPEPR1 with the co-receptor AtBAK1 (Bri1-associated kinase 1), eliciting immune responses. Biochemical assays showed that AtPep1 induces the heterodimerization of the extracellular domains of PEPR1^{LRR}–BAK1^{LRR} (Tang *et al.*, 2015). In addition to AtBAK1, another small LRR-receptor kinase, AtAPEX interacts with AtPEPR1/2^{LRR} in a ligand-independent manner and is required for appropriate Pep2-induced responses (Smakowska-Luzan *et al.*, 2018). Whether SsPele1 affects the heterodimerization of ScPEPR1–ScBAK1 or ScPEPR1–ScAPEX is worth testing in future studies.

The extracellular space (apoplast) of plant tissue is an important battleground between plants and pathogens. Pathogenic microbes secrete apoplastic (extracellular) as well as cytoplasmic (intracellular) effectors to alter host-cell structure and function, thereby enhancing plant susceptibility (Wawra *et al.*, 2012). Apoplastic effectors mostly have been reported to function as inhibitors of proteases, chitinases, or glucanases to prevent the release of fungal elicitors (Lanver *et al.*, 2017). LysM effectors are widely used by pathogenic fungi to bind to soluble chitin oligomers that could be recognized by plant immune receptors, to prevent the enzymatic hydrolyzation of host chitinase (Mentlak *et al.*, 2012; Zeng *et al.*, 2020). The maize smut fungus *U. maydis* secretes the effector Pit2, which inhibits a set of apoplastic papain-like cysteine proteases by its conserved 14-aa motif and prevents the release of endogenous SA-associated plant defense (Mueller *et al.*, 2013; Misa Villamil *et al.*, 2019). The work described here show that the *S. scitamineum* apoplastic effector SsPele1, and its orthologs UmPele1 from *U. maydis*, prevent the activation of the host plant DAMP receptor ScPEPR1/ZmPEPR1 by mimicking its ligand. Besides UmPele1, the orthologs of SsPele1 were found in related smut species (Fig. 3b). It is reasonable to speculate that such a virulent strategy used by SsPele1 might be common for smut pathogens. The intracellular kinase domain of PRRs has been shown to be targeted and suppressed by pathogen effectors (Heese *et al.*, 2007; Shan *et al.*, 2008; Zhou *et al.*, 2014). Here, our findings illustrate that the extracellular ligand-binding domain of ScPEPR1 is targeted by SsPele1, uncovering a novel virulence mechanism for fungal apoplastic effectors.

Acknowledgements




We thank Katayoon Dehesh from Botany and Plant Sciences at the University of California, Riverside for sharing plasmid

pFAST-R06, Lei Su for sharing pCAMBIA serial vectors, and Dingzhong Tang, Jie Zhang and Li Xue for critical reading and suggestions. We thank Yachun Su for help us on sugarcane treatment, Meixin Yan for sharing the smut wild-type haploid Ss17 and Ss18. We also thank SHbio and Zoonbio Biotechnology Co. Ltd for technical support. This work has been jointly supported by the following grants: National Key R&D Program of China (2019YFD1000500), National Natural Science Foundation of China (31671752, 31901592 and 31770277), and Natural Science Foundation of Fujian Province for Distinguished Young Scholars (2015J06006), Natural Science Foundation of Fujian Province (2018J01609), the Sugar Crop Research System of China (CARS-17) and the Funding of Yulin Normal University (GZ2020ZK03). All authors had no conflict of interest to declare.

Author contributions

HC and YQ designed and supervised the research; HL and NH carried out the pathogen treatment, analysis of microarray data, gene cloning, Y2H, sequence alignment, qRT-PCR, BiFC, Arabidopsis transformation, and vector construction; XF performed the protein blot, ROS, Luciferase and CoIP assays; ZZ performed the yeast secretion trial; WS performed picture capture on the laser scanning confocal microscope; and HL, HC, NH, WL and YQ wrote the manuscript. HL, XF and NH contributed equally to this work.

ORCID

Haitao Cui  <https://orcid.org/0000-0002-6343-1014>
Hui Ling  <https://orcid.org/0000-0003-0873-7878>
Youxiong Que  <https://orcid.org/0000-0003-1111-5834>

Data availability

All the generated and analyzed data from this study are included in the published article and its Supporting Information.

References

- Albert HH, Schenk S. 1996. PCR amplification from a homolog of the bE mating-type gene as a sensitive assay for the presence of *Ustilago scitaminea* DNA. *Plant Disease* 80: 1189–1192.
- Ali S, Laurie JD, Linning R, Cervantes-Chávez JA, Gaudet D, Bakkeren G. 2014. An immunity-triggering effector from the barley smut fungus *Ustilago hordei* resides in an *Ustilaginaceae*-specific cluster bearing signs of transposable element-assisted evolution. *PLoS Pathogens* 10: e1004223.
- Asai T, Tena G, Plotnikova J, Willmann MR, Chiu W-L, Gomez-Gomez L, Boller T, Ausubel FM, Sheen J. 2002. MAP kinase signalling cascade in Arabidopsis innate immunity. *Nature* 415: 977–983.
- Barnabas L, Ashwin NMR, Sundar AR, Malathi P, Viswanathan R. 2017. Putative orthologs of *Ustilago maydis* effectors screened from the genome of sugarcane smut fungus – *Sporisorium scitamineum*. *Australasian Plant Pathology* 46: 147–156.
- Belkhadir Y, Yang L, Hetzel J, Dangl JL, Chory J. 2014. The growth-defense pivot: crisis management in plants mediated by LRR-RK surface receptors. *Trends in Biochemical Sciences* 39: 447–456.
- Bolstad BM, Irizarry RA, Astrand M, Speed TP. 2003. A comparison of normalization methods for high density oligonucleotide array data based on variance and bias. *Bioinformatics* 19: 185–193.
- Brefort T, Tanaka S, Neidig N, Doehlemann G, Vincon V, Kahmann R. 2014. Characterization of the largest effector gene cluster of *Ustilago maydis*. *PLoS Pathogens* 10: e1003866.
- Cao J, Yao D, Lin F, Jiang M. 2014. PEG-mediated transient gene expression and silencing system in maize mesophyll protoplasts: a valuable tool for signal transduction study in maize. *Acta Physiologiae Plantarum* 36: 1271–1281.
- Chen C, Chen H, Zhang Y, Thomas HR, Frank MH, He Y, Xia R. 2020. TBTOOLS: an integrative toolkit developed for interactive analyses of big biological data. *Molecular Plant* 13: 1194–1202.
- Cline MS, Smoot M, Cerami E, Kuchinsky A, Landys N, Workman C, Christmas R, Avila-Campilo I, Creech M, Gross B *et al.* 2007. Integration of biological networks and gene expression data using CYTOSCAPE. *Nature Protocols* 2: 2366.
- Cui H, Tsuda K, Parker JE. 2015. Effector-triggered immunity: from pathogen perception to robust defense. *Annual Review of Plant Biology* 66: 487–511.
- Djamei A, Schipper K, Rabe F, Ghosh A, Vincon V, Kahnt J, Osorio S, Tohge T, Fernie AR, Feussner I *et al.* 2011. Metabolic priming by a secreted fungal effector. *Nature* 478: 395–398.
- Doehlemann G, van der Linde K, Aßmann D, Schwambach D, Hof A, Mohanty A, Jackson D, Kahmann R. 2009. Pep1, a secreted effector protein of *Ustilago maydis*, is required for successful invasion of plant cells. *PLoS Pathogens* 5: e1000290.
- Doehlemann G, Reissmann S, Assmann D, Fleckenstein M, Kahmann R. 2011. Two linked genes encoding a secreted effector and a membrane protein are essential for *Ustilago maydis*-induced tumour formation. *Molecular Microbiology* 81: 751–766.
- Dutheil JY, Mannhaupt G, Schweizer G, Sieber CMK, Munsterkoetter M, Gueldener U, Schirawski J, Kahmann R. 2016. A tale of genome compartmentalization: the evolution of virulence clusters in smut fungi. *Genome Biology and Evolution* 8: 681–704.
- Frye CA, Innes RW. 1998. An Arabidopsis mutant with enhanced resistance to powdery mildew. *Plant Cell* 10: 947–956.
- Gravino M, Locci F, Tundo S, Cervone F, Savatin DV, De Lorenzo G. 2017. Immune responses induced by oligogalacturonides are differentially affected by AvrPto and loss of BAK1/BKK1 and PEPR1/PEPR2. *Molecular Plant Pathology* 18: 582–595.
- Heese A, Hann DR, Gimenez-Ibanez S, Jones AME, He K, Li J, Schroeder JL, Peck SC, Rathjen JP. 2007. The receptor-like kinase SERK3/BAK1 is a central regulator of innate immunity in plants. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA* 104: 12217.
- Hemetsberger C, Herrberger C, Zechmann B, Hillmer M, Doehlemann G. 2012. The *Ustilago maydis* effector Pep1 suppresses plant immunity by inhibition of host peroxidase activity. *PLoS Pathogens* 8: e1002684.
- Huang N, Ling H, Liu F, Su Y, Su W, Mao H, Zhang X, Wang L, Chen R, Que Y. 2018. Identification and evaluation of PCR reference genes for host and pathogen in sugarcane-*Sporisorium scitamineum* interaction system. *BMC Genomics* 19: 479.
- Huffaker A, Dafoe NJ, Schmelz EA. 2011. ZmPep1, an ortholog of Arabidopsis elicitor peptide 1, regulates maize innate immunity and enhances disease resistance. *Plant Physiology* 155: 1325–1338.
- Huffaker A, Pearce G, Ryan CA. 2006. An endogenous peptide signal in Arabidopsis activates components of the innate immune response. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA* 103: 10098–10103.
- Jacobs KA, Collins-Racie LA, Colbert M, Duckett M, Golden-Fleet M, Kelleher K, Kriz R, LaVallie ER, Merberg D, Spaulding V *et al.* 1997. A genetic selection for isolating cDNAs encoding secreted proteins. *Gene* 198: 289–296.
- Jaillais Y, Belkhadir Y, Balsemao-Pires E, Dangl JL, Chory J. 2011. Extracellular leucine-rich repeats as a platform for receptor/coreceptor complex formation. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA* 108: 8503–8507.
- Langfelder P, Horvath S. 2008. WGCNA: an R package for weighted correlation network analysis. *BMC Bioinformatics* 9: 559.
- Lanver D, Müller AN, Happel P, Schweizer G, Haas FB, Franitz M, Pellegrin C, Reissmann S, Altmüller J, Reising SA *et al.* 2018. The biotrophic

- development of *Ustilago maydis* studied by RNA-seq analysis. *Plant Cell* 30: 300–323.
- Janver D, Tollot M, Schweizer G, Lo Presti L, Reissmann S, Ma L-S, Schuster M, Tanaka S, Liang L, Ludwig N *et al.* 2017. *Ustilago maydis* effectors and their impact on virulence. *Nature Reviews Microbiology* 15: 409.
- Laurie JD, Ali S, Linning R, Mannhaupt G, Wong P, Güldener U, Münsterkötter M, Moore R, Kahmann R, Bakkeren G *et al.* 2012. Genome comparison of barley and maize smut fungi reveals targeted loss of RNA silencing components and species-specific presence of transposable elements. *Plant Cell* 24: 1733.
- Li X, Lin H, Zhang W, Zou Y, Zhang J, Tang X, Zhou J-M. 2005. Flagellin induces innate immunity in nonhost interactions that is suppressed by *Pseudomonas syringae* effectors. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA* 102: 12990.
- Liang X, Zhou J-M. 2018. Receptor-like cytoplasmic kinases: central players in plant receptor kinase-mediated signaling. *Annual Review of Plant Biology* 69: 267–299.
- Livak KJ, Schmittgen TD. 2001. Analysis of relative gene expression data using real-time quantitative PCR and the $2^{-\Delta\Delta CT}$ method. *Methods* 25: 402–408.
- Ma L-S, Wang L, Trippel C, Mendoza-Mendoza A, Ullmann S, Moretti M, Carsten A, Kahnt J, Reissmann S, Zechmann B *et al.* 2018. The *Ustilago maydis* repetitive effector Rsp3 blocks the antifungal activity of mannose-binding maize proteins. *Nature Communications* 9: 1711.
- Marques J, Hoy JW, Appezatodaglória B, Viveros A, Vieira M, Baisakh N. 2018. Sugarcane cell wall-associated defense responses to infection by *Sporisorium scitamineum*. *Frontiers in Plant Science* 9: 968.
- Marques JPR, Appezatodaglória B, Piepenbring M, Massola NS, Monteirovitorello CB, Vieira MLC. 2017. Sugarcane smut: shedding light on the development of the whip-shaped sorus. *Annals of Botany* 119: 815–827.
- Mentlak TA, Kombrink A, Shinya T, Ryder LS, Otomo I, Saitoh H, Terauchi R, Nishizawa Y, Shibuya N, Thomma BPHJ *et al.* 2012. Effector-mediated suppression of chitin-triggered immunity by *Magnaporthe oryzae* is necessary for rice blast disease. *Plant Cell* 24: 322.
- Misas Villamil JC, Mueller AN, Demir F, Meyer U, Ökmen B, Schulze Hüynck J, Breuer M, Dauben H, Win J, Huesgen PF *et al.* 2019. A fungal substrate mimicking molecule suppresses plant immunity via an inter-kingdom conserved motif. *Nature Communications* 10: 1576.
- Mueller AN, Ziemann S, Treitschke S, Aßmann D, Doehlemann G. 2013. Compatibility in the *Ustilago maydis*-maize interaction requires inhibition of host cysteine proteases by the fungal effector Pit2. *PLoS Pathogens* 9: e1003177.
- Peters LP, Carvalho G, Vilhena MB, Creste S, Azevedo RA, Monteiro-Vitorello CB. 2017. Functional analysis of oxidative burst in sugarcane smut-resistant and -susceptible genotypes. *Planta* 245: 749–764.
- Que Y, Su Y, Guo J, Wu Q, Xu L. 2014a. A global view of transcriptome dynamics during *Sporisorium scitamineum* challenge in sugarcane by RNA-Seq. *PLoS ONE* 9: e106476.
- Que Y, Xu L, Wu Q, Liu Y, Ling H, Liu Y, Zhang Y, Guo J, Su Y, Chen J *et al.* 2014b. Genome sequencing of *Sporisorium scitamineum* provides insights into the pathogenic mechanisms of sugarcane smut. *BMC Genomics* 15: 996.
- Rody HVS, Bombardelli RG, Creste S, Camargo LEA, Van Sluys M-A, Monteiro-Vitorello CB. 2019. Genome survey of resistance gene analogs in sugarcane: genomic features and differential expression of the innate immune system from a smut-resistant genotype. *BMC Genomics* 20: 809.
- Ross A, Yamada K, Hiruma K, Yamashita-Yamada M, Lu X, Takano Y, Tsuda K, Saijo Y. 2014. The Arabidopsis PEP1 pathway couples local and systemic plant immunity. *EMBO Journal* 33: 62–75.
- Sánchez-Elordi E, de los Ríos LM, Vicente C, Legaz M-E. 2019. Polyamines levels increase in smut teliospores after contact with sugarcane glycoproteins as a plant defensive mechanism. *Journal of Plant Research* 132: 405–417.
- Schaker PD, Palhares AC, Taniguti LM, Peters LP, Creste S, Aitken KS, Van Sluys MA, Kitajima JP, Vieira ML, Monteiro-Vitorello CB. 2016. RNAseq transcriptional profiling following whip development in sugarcane smut disease. *PLoS ONE* 11: e0162237.
- Schilling L, Matei A, Redkar A, Walbot V, Doehlemann G. 2014. Virulence of the maize smut *Ustilago maydis* is shaped by organ-specific effectors. *Molecular Plant Pathology* 15: 780–789.
- Schuster M, Schweizer G, Kahmann R. 2018. Comparative analyses of secreted proteins in plant pathogenic smut fungi and related basidiomycetes. *Fungal Genetics and Biology* 112: 21–30.
- Schweizer G, Münch K, Mannhaupt G, Schirawski J, Kahmann R, Dutheil JY. 2018. Positively selected effector genes and their contribution to virulence in the smut fungus *Sporisorium reilianum*. *Genome Biology and Evolution* 10: 629–645.
- Shan L, He P, Li J, Heese A, Peck SC, Nürnberger T, Martin GB, Sheen J. 2008. Bacterial effectors target the common signaling partner BAK1 to disrupt multiple MAMP receptor-signaling complexes and impede plant immunity. *Cell Host & Microbe* 4: 17–27.
- Shannon P, Markiel A, Ozier O, Baliga NS, Wang JT, Ramage D, Amin N, Schwikowski B, Ideker T. 2002. CYTOSCAPE: a software environment for integrated models of biomolecular interaction networks. *Genome Research* 2003: 2498–2504.
- Singh N, Somai BM, Pillay D. 2004. Smut disease assessment by PCR and microscopy in inoculated tissue cultured sugarcane cultivars. *Plant Science* 167: 987–994.
- Smakowska-Luzan E, Mott GA, Parys K, Stegmann M, Howton TC, Layeghifard M, Neuhold J, Lehner A, Kong J, Grünwald K *et al.* 2018. An extracellular network of Arabidopsis leucine-rich repeat receptor kinases. *Nature* 553: 342–346.
- Su Y, Wang S, Guo J, Xue B, Xu L, Que Y. 2013. A TaqMan real-time PCR assay for detection and quantification of *Sporisorium scitamineum* in sugarcane. *Scientific World Journal* 2013: 942682.
- Su Y, Xiao X, Ling H, Huang N, Liu F, Su W, Zhang Y, Xu L, Muhammad K, Que Y. 2019. A dynamic degradome landscape on miRNAs and their predicted targets in sugarcane caused by *Sporisorium scitamineum* stress. *BMC Genomics* 20: 57.
- Suarez-Rodriguez MC, Adams-Phillips L, Liu Y, Wang H, Su SH, Jester PJ, Zhang S, Bent AF, Krysan PJ. 2007. MEKK1 is required for flg22-induced MPK4 activation in Arabidopsis plants. *Plant Physiology* 143: 661–669.
- Sun X, Yu G, Li J, Liu J, Wang X, Zhu G, Zhang X, Pan H. 2018. AcERF2, an ethylene-responsive factor of *Atriplex canescens*, positively modulates osmotic and disease resistance in *Arabidopsis thaliana*. *Plant Science* 274: 32–43.
- Sundar AR, Barnabas EL, Malathi P, Viswanathan R. 2012. *A mini-review on smut disease of sugarcane caused by Sporisorium scitamineum*. Shanghai, China: InTech China.
- Tanaka S, Brefort T, Neidig N, Djamei A, Kahnt J, Vermerris W, Koenig S, Feussner K, Feussner I, Kahmann R. 2014. A secreted *Ustilago maydis* effector promotes virulence by targeting anthocyanin biosynthesis in maize. *eLife* 3: e01355.
- Tang D, Zhou J-M. 2016. PEP1s spice up plant immunity. *EMBO Journal* 35: 4–5.
- Tang J, Han Z, Sun Y, Zhang H, Gong X, Chai J. 2015. Structural basis for recognition of an endogenous peptide by the plant receptor kinase PEP1. *Cell Research* 25: 110–120.
- Tarun SZ Jr., Sachs AB. 1996. Association of the yeast poly(A) tail binding protein with translation initiation factor eIF4G. *EMBO Journal* 15: 7168–7177.
- Wang J, Yao W, Wang L, Ma F, Tong W, Wang C, Bao R, Jiang C, Yang Y, Zhang J *et al.* 2017. Overexpression of VpE1FP1, a novel F-box/Kelch-repeat protein from wild Chinese *Vitis pseudoreticulata*, confers higher tolerance to powdery mildew by inducing thioredoxin z proteolysis. *Plant Science* 263: 142–155.
- Wang W, Feng B, Zhou J-M, Tang D. 2020. Plant immune signaling: advancing on two frontiers. *Journal of Integrative Plant Biology* 62: 2–24.
- Wawra S, Belmonte R, Lobach L, Saraiva M, Willems A, van West P. 2012. Secretion, delivery and function of oomycete effector proteins. *Current Opinion in Microbiology* 15: 685–691.
- Xu Q, Tang C, Wang X, Sun S, Zhao J, Kang Z, Wang X. 2019. An effector protein of the wheat stripe rust fungus targets chloroplasts and suppresses chloroplast function. *Nature Communications* 10: 5571.
- Xu S, Liao C-J, Jaiswal N, Lee S, Yun D-J, Lee SY, Garvey M, Kaplan I, Mengiste T. 2018. Tomato PEP1 ortholog receptor-like kinase1 regulates responses to systemin, necrotrophic fungi, and insect herbivory. *Plant Cell* 30: 2214–2229.

- Yamada K, Yamashita-Yamada M, Hirase T, Fujiwara T, Tsuda K, Hiruma K, Saijo Y. 2016. Danger peptide receptor signaling in plants ensures basal immunity upon pathogen-induced depletion of BAK1. *EMBO Journal* 35: 46–61.
- Yamaguchi Y, Huffaker A, Bryan AC, Tax FE, Ryan CA. 2010. PEPR2 is a second receptor for the Pep1 and Pep2 peptides and contributes to defense responses in Arabidopsis. *Plant Cell* 22: 508–522.
- Yamaguchi Y, Pearce G, Ryan CA. 2006. The cell surface leucine-rich repeat receptor for AtPep1, an endogenous peptide elicitor in Arabidopsis, is functional in transgenic tobacco cells. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA* 103: 10104–10109.
- Yoo S-D, Cho Y-H, Sheen J. 2007. Arabidopsis mesophyll protoplasts: a versatile cell system for transient gene expression analysis. *Nature Protocols* 2: 1565–1572.
- Zeng T, Rodriguez-Moreno L, Mansurkhodzhev A, Wang P, Berg W, Gascioli V, Cottaz S, Fort S, Thomma BPHJ, Bono J-J *et al.* 2020. A lysin motif effector subverts chitin-triggered immunity to facilitate arbuscular mycorrhizal symbiosis. *New Phytologist* 225: 448–460.
- Zhang W, Corwin JA, Copeland DH, Feusier J, Eshbaugh R, Cook DE, Atwell S, Kliebenstein DJ. 2019. Plant-necrotroph co-transcriptome networks illuminate a metabolic battlefield. *eLife* 8: e44279.
- Zhou J, Wu S, Chen X, Liu C, Sheen J, Shan L, He P. 2014. The *Pseudomonas syringae* effector HopF2 suppresses Arabidopsis immunity by targeting BAK1. *The Plant Journal* 77: 235–245.

Supporting Information

Additional Supporting Information may be found online in the Supporting Information section at the end of the article.

Fig. S1 Fungal biomass accumulation and microarray hybridization in the sugarcane-*S. scitamineum* interaction.

Fig. S2 The expression of 14 selected differentially expressed genes revealed by microarray hybridization and qRT-PCR.

Fig. S3 The phylogenetic analysis of PEPR1 and the expression of *ScPEPR1* in sugarcane.

Fig. S4 Overexpression of *ScPEPR1* in Arabidopsis enhances plant resistance to powdery mildew.

Fig. S5 SsPE14- Δ sp lacking signal peptide does not interact with *ScPEPR1* in bimolecular fluorescence complementation assay.

Fig. S6 The alignment of the amino acid sequences of plant elicitor peptides and the fungal homologs of SsPe1.

Fig. S7 SsPel25 promotes the propagation of smut fungus on the sugarcane sheath tissue.

Table S1 The primers and constructs used in the present study.

Table S2 Screening genes as the detection targets of sugarcane-*S. scitamineum* customization microarray.

Table S3 The accession number of genes and proteins used in the present study.

Table S4 Twenty-night candidate secreted effector protein genes coexpressed with *ScPEPR1* gene.

Please note: Wiley Blackwell are not responsible for the content or functionality of any Supporting Information supplied by the authors. Any queries (other than missing material) should be directed to the *New Phytologist* Central Office.

油莎豆油体蛋白基因的全基因组鉴定与功能解析

邹 智^{*}, 郑玉皎, 肖艳华, 张中甜, 赵永国

海南省南繁生物安全与分子育种重点实验室/中国热带农业科学院热带生物技术研究所/
三亚研究院, 海南海口 571101

Abstract

Oleosins (OLEs) are abundant structural proteins of lipid droplets (LDs) that function in LD formation and stabilization in seeds of oil crops. However, little information is available on their roles in vegetative tissues. In this study, we present the first genome-wide characterization of the *oleosin* family in tigernut (*Cyperus esculentus* L., Cyperaceae), a rare example accumulating high amounts of oil in underground tubers. Six members identified represent three previously defined clades (i.e. U, SL and SH) or six out of seven proposed orthogroups (i.e. U, SL1, SL2, and SH1–3). Comparative genomics analysis reveals that lineage-specific expansion of Clades SL and SH was contributed by whole-genome duplication and dispersed duplication, respectively. Moreover, presence of SL2 and SH3 in *Juncus effuses* implies their appearance sometime before Cyperaceae-Juncaceae divergence, whereas SH2 appears to be Cyperaceae-specific. Expression analysis showed that *CeOLE* genes exhibit a tuber-predominant expression pattern and transcript levels are considerably more abundant than homologs in the close relative *Cyperus rotundus*. Moreover, *CeOLE* mRNA and protein abundances were shown to positively correlate with oil accumulation during tuber development. Additionally, two dominant isoforms (i.e. CeOLE2 and -5) were shown to locate in LDs as well as the endoplasmic reticulum of *Nicotiana benthamiana* leaves, and are more likely to function in homo and heteromultimers. Furthermore, overexpression of *CeOLE2* and -5 in *N. benthamiana* leaves could significantly increase the oil content, supporting their roles in oil accumulation. These findings provide insights into lineage-specific family evolution and putative roles of *CeOLE* genes in oil accumulation of vegetative tissues, which facilitate further genetic improvement for tigernut.

Keywords: oil crop, oil accumulation, expression divergence, orthogroup, protein interaction, synteny analysis

热区植原体遗传多样性与其病害传播流行关系研究

于少帅^{1*}, 车海彦², 宋薇薇¹

1. 中国热带农业科学院椰子研究所, 海南文昌 571339; 2. 中国热带农业科学院环境与植物保护研究所, 海南海口 571101

摘要: 植原体于 1967 年首次报道, 基于植原体保守基因及国际植原体分类鉴定标准, 目前植原体已鉴定 37 个 16Sr 组和 48 个植原体候选种, 引起全球 1000 多种植原体病害, 其中我国已报道植原体病害约 200 种。热带地区生物多样性丰富, 海南岛是我国典型的热带岛屿省份, 植原体病害约占我国植原体病害的四分之一。目前在海南岛已鉴定、报道引起植物病害的植原体有 4 个组, 分别为 16SrI、16SrII、16SrV、16SrXXXII, 其中 16SrI、16SrII 所占比例较高。本团队前期在海南岛已鉴定植原体病害 20 余种, 其中 10 余种植原体病害为首次鉴定报道。经同源比对、变异位点分析等表明不同植物寄主中的植原体同源性极高, 有的株系间甚至高达 100%。植原体不能分离培养, 目前研究表明其传播主要通过寄主植物与媒介昆虫。植原体不同寄主间植原体高同源性, 可能导致该类病原在不同寄主间植原体存在互传现象。国内外已有多项研究表明, 植原体可能不同寄主植物中相互传播, 导致不同寄主植物植原体病害的发生流行。本团队前期在槟榔黄化病发病园内及周围, 已鉴定苦楝等 7 种寄主植物的植原体与海南槟榔黄化植原体保守基因序列同源性为 100%, 结合槟榔病园发病历史、病情发展等调查, 推测植原体可能在其高同源性植物寄主间相互传播, 因此, 在相关经济作物植原体等难培养微生物病害的防控过程中, 中间寄主是一个不可忽视的问题。植原体寄主的多样性, 导致其传播流行的复杂性与检测防控的困难性。国外一些致死性棕榈作物病害, 如椰子、油棕等, 国内虽未见发病报道, 但经基因数据比对分析发现, 高同源性 (甚至 100%) 的植原体株系国内已存在, 传播风险极大, 因此, 定期开展岛内关键作物植原体等病原物“项目”的定期“体检”, 明确植原体等在自然条件下的寄主多样性及特征, 对于其相关病害的精准监测与有效防控具有重要意义。

关键词: 植原体; 系统分类; 遗传多样性; 中间寄主; 病害传播流行

基金项目 海南省自然科学基金高层次人才项目 (No. 320RC743); 中国热带农业科学院中央级公益性科研院所基本科研业务费专项 (No. 1630152021005, 1630152022004)。

作者简介 *通信作者 (Corresponding author): 于少帅 (YU Shaoshuai), E-mail: hzuys@163.com。

热区棕榈作物植原体病害检测技术研发与应用

于少帅^{1*}, 覃伟权¹, 潘英文², 宋薇薇¹, 车海彦³, 朱 辉¹

1. 中国热带农业科学院椰子研究所, 海南文昌 571339; 2. 海口海关热带植物隔离检疫中心, 海南海口 570311;
3. 中国热带农业科学院环境与植物保护研究所, 海南海口 571101

摘 要: 植原体是一类尚难分离培养的原核致病菌, 由植原体引起的植物病害被称为植物“癌症”。槟榔、椰子是海南“六棵树”之一, 重要的热带经济作物, 国内外研究报道表明由植原体引起的槟榔、椰子病害是致死性的, 给海南乃至全球热区相关产业造成沉重打击。在国家“一带一路”、海南自由贸易港、全球动植物种质资源引进中转基地等建设的背景下, 植原体等外来有害生物入侵与国内有害生物扩散的风险极大增加, 一旦入侵, 会像槟榔黄化病一样, 给海南椰子产业带来灭顶之灾。快速高效的检测诊断技术对于预防相关病害的发生流行、降低经济损失等具有重要意义。因此, 针对槟榔、椰子等棕榈作物植原体病害研究难点及其产业卡脖子问题, 研发其病原快速、高效检测技术体系。针对我国槟榔黄化植原体序列特征, 建立了其 LAMP 快速可视化检测技术, 该技术操作简便、检测时间短 (40 min 内可完成), 检测结果肉眼可视, 适用于田间诊断与推广应用; 全球率先将微滴式数字 PCR 技术应用于槟榔黄化病研究中, 建立了槟榔黄化植原体高灵敏检测技术, 灵敏度数量级达 10^{-2} copies/ μ L, 与已报道的检测技术相比, 灵敏度提高了约 1000 倍; 建立了全球椰子致死性植原体通用型 LAMP 快速可视化检测技术, 该技术一个反应体系可同时检测全球已知的 6 类椰子致死性植原体, 且检测反应仅需 40 min, 极大提高了这一全球重大检疫性病害的检测效率。相关技术已在棕榈作物体内植原体分布规律、海南不同地区槟榔黄化病定期检测监测等方面进行广泛应用, 在棕榈作物种苗和新种植区的检测监测及口岸检疫等方面具有重要的应用前景, 对有效降低外来有害生物入侵风险、防止国内相关病害的扩散流行、精准监测预警相关病害等至关重要。

关键词: 植原体; 棕榈作物; 检测鉴定; 监测预警; 口岸检疫

基金项目 海南省自然科学基金高层次人才项目 (No. 320RC743); 中国热带农业科学院中央级公益性科研院所基本科研业务费专项 (No. 1630152021005, 1630152022004)。

作者简介 *通信作者 (Corresponding author): 于少帅 (YU Shaoshuai), E-mail: hzuys@163.com。

孕穗期喷施外源硒对水稻产量和糙米硒含量的影响

李许明, 李福燕

广西民族师范学院, 广西崇左 532200

摘要: 为了探索桂西南地区氨基酸硒肥对水稻产量及糙米中硒含量的影响, 为形成区域安全、低成本的富硒水稻种植技术, 以桂西南六种常见水稻为供试材料, 在水稻孕穗期喷施氨基酸有机硒肥, 探究喷施硒肥对不同水稻株高、穗长、产量及糙米硒含量的影响。结果表明: 叶面喷施硒肥对水稻株高、穗长、千粒重和产量无显著差异, 但不同水稻品种间存在显著差异, 其中表现较好的是中浙优 15 号、昌两优馥香占、耕香优荔丝苗 3 个品种。叶面喷施硒肥对水稻产量无显著差异, 但不同水稻品种间存在显著差异, 其中表现较好的是昌两优馥香占、中浙优 15 号、野香优明月丝苗 3 个品种。在硒含量方面, 叶面喷施硒肥对水稻糙米硒含量具有显著影响且不同品种对硒的富集能力存在显著差异, 其中野香优莉丝、中浙优 15 号以及野香优明月丝苗 3 个品种富硒能力较强且均符合广西富硒水稻标准。综合分析, 6 个参试水稻品种以昌两优馥香占和中浙优 15 号在株高、穗长、结实率和产量上的表现较佳且富硒能力较强, 可为当地种植优质富硒水稻提供参考。

关键词: 水稻; 氨基酸硒肥; 产量; 硒含量; 糙米

广藿香组织培养工厂化育苗技术研究

倪燕妹^{1,2}, 陈叶海^{1,2*}, 林杰泽^{1,2}, 黄梅花³

广东农垦热带农业研究院有限公司, 广东广州 511365; 2. 广东省农垦南亚热带作物科技中心, 广东广州 510507; 3. 广东农垦热带作物科学研究所, 广东茂名 525100

摘要: 从广藿香组织培养工厂化育苗的生产流程入手, 系统地介绍了其组织培养生产和快速栽培技术, 总结出组织培养工厂化育苗的技术要点。试验结果表明, 最优诱导愈伤组织培养基: MS +2, 4-D 0.2 mg/L + 6-BA 1.0mg/L + NAA 0.5mg/L; 最优诱导从生芽培养基: MS + 6-BA 1.0mg/L; 最优壮苗培养基: MS + 6-BA 0.1mg/L; 最优生根培养基: 1/2 MS。以上培养基每升均加入蔗糖 30g、卡拉胶 6.5g, pH 5.8。培养温度为 (25 ± 2) °C, 光照度 1500lx, 每日光照 10h。最适移植基质为泥炭土与珍珠岩 (5 : 1) 的混合基质。移栽后遮荫保湿, 成活率 ≥ 95%, 按常规组培苗做好水肥管理和病虫害防治, 50d 后苗高约 20cm, 叶片在 4 对以上, 即可出圃进行大田种植。

关键词: 广藿香; 组织培养; 工厂化育苗; 快速栽培

Mass Propagation of *Pogostemon Cablin*(Blanco) Benth via Tissue Culture

Ni Yanmei^{1,2}, Chen Yehai^{1,2*}, Lin Jieze^{1,2}, Huang Meihua³

1. Guangdong Agribusiness Tropical Agriculture Institute, Guangzhou, Guangdong 511365, China;
2. Guangdong Agribusiness South Subtropical Crops Science and technology Center, Guangzhou, Guangdong 510507, China;
3. Guangdong Agricultural Reclamation Tropical Crop Science Research Institute, Maoming, Guangdong 525100, China

Abstract: This study presents a comprehensive exploration of tissue culture production and rapid cultivation techniques for achieving mass propagation of *P. cablin*. The paper systematically introduces the production process, highlighting key technical considerations for successful mass propagation via tissue culture. Experimental findings reveal optimal conditions for various stages of the propagation process. The induced callus medium demonstrated superior performance when formulated with MS supplemented with 2,4-D (0.2 mg · L⁻¹), 6-BA (1.0 mg · L⁻¹), and NAA (0.5 mg · L⁻¹). Similarly, the optimal medium for induction from budding consisted of MS supplemented with 6-BA (1.0 mg · L⁻¹). Robust seedling growth was achieved using MS supplemented with 6-BA (0.1 mg · L⁻¹). Successful rooting was observed with a medium composition of 1/2 MS, incorporating 30g of sucrose, 6.5g of carrageenan, and adjusted to a pH of 5.8 per liter. Incubation conditions involved maintaining a temperature of (25 ± 2) °C and a light intensity of 1500 lx for 10 hours. The optimal graft substrate was identified as a peat soil and perlite mixture in a 5:1 ratio. Post-transplantation, shade and moisture were provided, resulting in an impressive survival rate of 95%. Water and fertilizer management, along with pest control, adhered to conventional tissue culture seedling practices. After 50 days, the seedlings attained a height of approximately 20cm, accompanied by the emergence of more than 4 pairs of leaves, signifying their readiness for field planting. This study provides valuable insights for the large-scale propagation of *P. cablin* through tissue culture, enabling enhanced cultivation practices and potential applications in the industry.

Keywords: *Pogostemon cablin*(Blanco) Benth; Tissue culture; mass propagation; Rapid cultivation

基金项目 广东省农业农村厅 2023 年乡村振兴战略专项“大宗与道地南药广藿香的生态种植关键技术示范及产业化应用”

作者简介 倪燕妹 (1984—), 女, 硕士研究生, 科研管理部副部长, 高级农艺师, 研究方向: 科研项目管理、农业技术推广及植物组织培养研究。*通信作者 (Corresponding author): 陈叶海 (CHEN Yehai), E-mail: chenye hai@126.com

旋切式电动割胶刀在茂名植胶区试验初报

李富存¹, 谢黎黎¹, 潘媛¹, 马启铭¹, 杨江波²

1. 广东农垦热带作物科学研究所, 广东化州 525100; 2. 广东农垦热带农业研究院有限公司, 广东广州 510000

摘要: 茂名植胶区由于胶价低迷, 胶工短缺, 面临橡胶大面积弃割风险。如何提高现有胶工的潜力, 快速培养一批合格胶工, 会影响到天然橡胶发展速度、质量和效益。传统推式割胶方式, 是一种精细且技术性很强的手工操作, 茂名植胶区大部分都是使用这种方式进行采胶, 采用此方法存在胶工劳动强度大、培训时间长、橡胶树死皮率高、割胶速度难以再进一步提高等缺点。机械化、智能化割胶工具与技术研究在国内外都备受重视, 良具良法的升级换代更是离不开新的核心资源引进或者创制, 本研究通过利用茂名植胶区比较有代表性的品种‘热研 73397’为试验材料, 进行 4CJX 型旋切式电动割胶刀和传统推式割胶刀对比分析试验, 结果发现: 耗皮量明显更低 ($p < 0.01$), 割胶深度明显更浅 ($p < 0.05$), 割胶速度明显更快 ($p < 0.01$), 劳动强度明显更低 ($p < 0.01$), 同时培训 7 天就可以进行试验割胶, 对缩短胶工培训时间、降低培训成本有积极作用。割胶方式多样化发展, 有利于割胶技术的进一步提升, 旋切式电动割胶刀通过机械结构控制耗皮量、控制割胶深度, 能避免胶工超深割胶, 不易伤树, 对保护橡胶树有积极作用。橡胶树保持健康, 是保持高产、稳产的保障。旋切式电动割胶刀和传统推式割胶刀使用差异比较大, 有必要通过加强胶工针对性培训, 来解决减产问题。同时, 机械还有不少改进空间, 来进行更有针对性的设计。相信随着机械的进一步发展, 技术的进一步成熟, 旋切式电动割胶刀会成为解决茂名植胶区割胶难题的重要工具。

关键词: 橡胶树; 茂名植胶区; 旋切式; 电动割胶

The rotary cutting electric rubber tapping knife was first reported in the rubber planting area of Maoming

LI Fucun¹, XIE Lili¹, PAN Yuan¹, MA Qiming¹, YANG Jiangbo²

1. Guangdong Agricultural Reclamation Institute of Tropical Crops Science, Huazhou, Guangdong 525100, China;

2. Guangdong Ag-ricultural Reclamation Academy of Tropical Agriculture Co., Ltd., Guangzhou, Guangdong 510000, China

Abstract: Due to the low price of rubber and the shortage of glue workers, the rubber planting area in Maoming is facing the risk of large-scale abandonment of rubber. How to improve the potential of existing glue workers and quickly train a batch of qualified glue workers will affect the development speed, quality and efficiency of natural rubber. The traditional push rubber tapping method is a fine and highly technical manual operation, most of the Maoming rubber planting area is used in this way for rubber picking, the use of this method has the shortcomings of high labor intensity, long training time, high dead skin rate of rubber trees, and it is difficult to further improve the rubber tapping speed. Mechanized, intelligent rubber tapping tools and technology research are highly valued at home and abroad, the upgrading of good methods is inseparable from the introduction or creation of new core resources, this study by using the more representative variety of Maoming rubber planting area 'Hot Research 73397' as the test material, 4CJX type rotary cutting electric rubber tapping knife and traditional push rubber tapping knife comparative analysis test, the results found: skin consumption is significantly lower ($p < 0.01$), rubber tapping depth is significantly shallower ($p < 0.05$), rubber tapping speed is significantly faster ($p < 0.01$), labor intensity is significantly lower ($p < 0.01$), test tapping can be carried out after 7 days of training at the same time, which has a positive effect on shortening the training time of glue workers and reducing training costs. The diversified development of rubber tapping methods is conducive to the further improvement of rubber tapping technology, and the rotary cutting electric rubber tapping knife controls the skin consumption and the depth of rubber tapping through the mechanical structure, which can avoid the glue worker's ultra-deep rubber tapping, not easy to damage the tree, and has a positive effect on the protection of rubber trees. Rubber trees

maintain health and are the guarantee for maintaining high and stable yields. The use of rotary cutting electric rubber tapping knives and traditional push rubber tapping knives is quite different, and it is necessary to strengthen the targeted training of glue workers to solve the problem of reducing production. At the same time, there is still a lot of room for improvement in the machinery to carry out more targeted design. It is believed that with the further development of machinery and the further maturity of technology, rotary cutting electric rubber tapping knife will become an important tool to solve the problem of rubber tapping in Maoming rubber planting area.

Keywords: Rubber tree; Maoming rubber planting area; Rotary cut; Electric tapping

作者简介 李富存 (1994—), 男, 大学本科, 研究方向: 农业新技术试验、示范及推广, E-mail: 171823762@qq.com。

乙烯利对五个菠萝品种成花及品质的影响

普跃^{1,2}, 林文秋^{1*}, 刘朝阳², 刘胜辉¹, 吴青松¹, 孙伟生¹,

1.中国热带农业科学院亚热带作物研究所, 广东湛江 524088; 2.华南农业大学园艺学院, 广东广州 510642

摘要 为了筛选出不同菠萝品种适宜的乙烯利催花浓度,本研究利用 25-1000mg/L 乙烯利对‘Josapine’、‘台农 4 号’、‘MD-2’、‘台农 21 号’、‘台农 22 号’进行灌心处理,探究不同乙烯利浓度对各菠萝品种成花率、现红期、果实内外品质及畸形率的影响。结果表明,除‘台农 22 号’外,各菠萝品种随着乙烯利浓度的增加成花率显著提升。其中,‘Josapine’、‘台农 4 号’诱导成花的最佳浓度为 400 mg/L,‘MD-2’、‘台农 21 号’诱导成花的最佳浓度为 800 mg/L;当处理浓度大于 400mg/L 时,‘Josapine’、‘台农 4 号’、‘台农 21 号’现红时间进一步缩短,‘MD-2’现红时间则逐渐延长;‘Josapine’、‘MD-2’、‘台农 22 号’纵横径、单果重等形态指标在处理浓度超 200mg/L 时呈下降趋势;随着乙烯利浓度的增大,各品种可滴定酸含量呈下降的趋势,而其可溶性固形物含量变化趋势则与之相反;此外,五个菠萝品种在乙烯利诱导下均有畸形果产生,其中‘Josapine’对高浓度乙烯利较为敏感,畸形率最高达到了 65.5%,而‘MD-2’畸形率仅为 6.7%。综合各项指标,‘Josapine’、‘台农 4 号’最适乙烯利催花浓度为 400mg/L;‘MD-2’、‘台农 21 号’最适乙烯利催花浓度为 800mg/L;而单一乙烯利不能诱导‘台农 22 号’成花。

关键词: 菠萝; 成花; 现红期; 品质; 畸形率

生物有机配方肥连续替代化肥对剑麻生长、土壤质量的影响

经福林¹, 冯学娟¹, 毛丽君², 郭继阳², 吴刃¹,
刘志强¹, 张曼其^{1*}

1 广东省湛江农垦科学研究所 广东湛江 524000; 2 农业农村部剑麻及制品质量监督检验测试中心 广东湛江 524000

摘要 本文通过在剑麻地连续两年施放生物有机配方肥替代传统化肥施放, 设置有三个处理: 常规施肥(对照 CK), 施放 1/2 常规施肥+剑麻生物有机配方肥 125 kg/hm² (T1) 和施放剑麻生物有机配方肥 250 kg/hm² (T2), 研究剑麻连续生物有机配方肥对剑麻地土壤养分、微生物量碳氮、酶活以及剑麻叶片生长状况与收益的影响。结果表明: 连续施放生物有机配方肥(T2)促进了剑麻植株对钙的吸收利用, 麻片全钙含量高传统化肥施放 0.67 mg/kg, 麻片纤维含量高传统化肥施放 0.35mg/kg; 同时, 剑麻施放生物有机配方肥(T2)的麻地相对常规施肥(CK), 有效提高了剑麻地土壤微生物量碳氮含量、蔗糖酶活性、脲酶活性、过氧化氢酶活性及土壤质量, 减少了化学肥料投入成本, 避免化肥过量施放, 通过成本核算, 两年内 T2 比 CK 增加收入 2400.5 yuan/hm², T1 比 CK 增加收入 663 yuan/hm², 为促进剑麻产业的健康持续发展提供了一种有效方法。

关键词 剑麻; 生物有机配方肥; 生长; 土壤; 收益

Effect on Sisal Growth and Soil Quality by Bio-organic Formulated Fertilizer Consecutively Replaced Chemical Fertilizer

JING Fulin¹, FENG Xuejuan¹, MAO Lijun², GUO Jiyang², WU Ren¹,
LIU Zhiqiang¹, ZHANG Manqi^{1,2*}

1. Guangdong Zhanjiang State Farms Research Institute, Zhanjiang, Guangdong 524000, China);
2. Quality and Safety Inspection Testing Center for Sisal Products, MARA, Zhanjiang, Guangdong 524000, China

Abstract: In this paper, biological organic formula fertilizer was applied in sisal field for two consecutive years instead of traditional chemical fertilizer. Three treatments were set up: Conventional fertilization (CK), application of 1/2 conventional fertilization + sisal bio-organic formula fertilizer 125 kg/hm² (T1) and sisal bio-organic formula fertilizer 250 kg/hm² (T2) were used to study the effects of continuous bio-organic formula fertilizer on soil nutrients, microbial biomass carbon and nitrogen, enzyme activity, leaf growth and yield of sisal. The results showed that continuous application of bioorganic formula fertilizer (T2) promoted the absorption and utilization of calcium in sisal plants, the total calcium content of sisal leaves was 0.67 mg / kg higher than that of traditional chemical fertilizer, and the fiber content of sisal leaves was 0.35 mg / kg higher than that of traditional chemical fertilizer. At the same time, compared with conventional fertilization (CK), sisal applied bioorganic formula fertilizer (T2), effectively improved soil microbial biomass carbon and nitrogen content, sucrase activity, urease activity, catalase activity and soil quality, reduced the input cost of chemical fertilizer, and avoided excessive application of fertilizer. In two years, T2 increased its income by 2400.5 yuan/hm² compared with CK, and T1 increased its income by 663 yuan/hm² compared with CK, providing an effective way to promote the healthy and sustainable development of sisal industry.

Key words: Sisal; Bio-organic Formula Fertilizer; Grow; Soil; Earnings

剑麻(学名: *Agave sisalana* Perr. ex Engelm.) 又名菠萝麻, 龙舌兰科龙舌兰属, 是一种多年生热带硬叶质纤维作物, 原产于墨西哥, 中国 1963 年从东非引进优良剑麻品种, 经改良后命名“东 1 号”,

资助项目 中央财政资金“耕地建设与利用资金项目”(2130122)。

作者简介 经福林(1984—), 男, 高级农艺师; 研究方向: 土壤与肥料研究。通讯作者(Corresponding author): 张曼其(ZHANG Manqi), E-mail: 1004596264@qq.com。

现已成为国内剑麻行业的当家品种^[1]。剑麻喜高温多湿和雨量均匀的高坡环境，尤其日间高温、干燥、充分日照，夜间多雾露的气候最为理想。适宜生长的气温为 27~30℃，上限温 40℃，下限温 16℃，昼夜温差不宜超过 7~10℃，适宜的年雨量为 1200~1800mm。其适应性较强，耐瘠、耐旱、怕涝，但生长力强，适应范围很广，宜种植于疏松、排水良好、地下水位低而肥沃的砂质壤土，排水不良、经常潮湿的地方则不宜种植。耐寒力较低，易发生生理性叶斑病。近来因受政治动乱、自然灾害、剑麻病虫害、劳力缺乏、经济萧条等因素影响，加上化学肥料价格上涨及剑麻种植户对土壤耕地保护意识薄弱，导致剑麻种植生产过程中肥料成本越来越高，收益越来越低，为此，黄标^[2]等为了解决传统施有机肥及化肥工效差，成本高问题，结合剑麻田间肥效试验，研制了成功配制了有机与无机肥相结合兼加有益功能菌的配方颗粒肥，并进行推广应用。但是连续施放剑麻生物有机配方肥替代传统化肥施放对剑麻叶片纤维含量、麻地土壤质量效果如何，尚未见报道，因此，本文通过连续施放剑麻生物有机配方肥替代传统化肥施肥模式，分析麻地土壤养分、微生物量碳氮、酶活及剑麻叶片生长、纤维含量等变化，为施生物有机配方肥提供理论，也为促进剑麻产业的健康持续发展提供了一种有效方法。

1 材料和方法

1.1 材料

供试剑麻品种：H·11648 麻；供试肥料：剑麻生物有机配方肥[含量标准：氮磷钾≥20%（7-4-9），有机质≥25%，活的有益微生物≥0.2 亿个/g，水分≤20%，PH 值 6.5，主要有羊粪配制，颗粒状]，参考黄标^[2]等生物有机配方肥。试验有机配方肥是由广东省丰收糖业发展有限公司复肥厂加工生产。

1.2 方法

1.2.1 试验地点

试验地设在广东农垦东方红农场有限公司 3 队 59 号地二刀麻，面积 1.79 hm²。依据全国第二次土壤普查养分分级标准^[3]，土壤有机质含量 27.90 g/kg，处于中水平；全氮含量 1.35 g/kg，处于中水平；碱解氮含量 121.41 mg/kg，处于中上水平；速效磷含量 18.78 mg/kg，处于中上水平；速效钾含量 150.08 mg/kg，处于的中上水平；交换性钙 439.54 mg/kg，处于中下水平，交换性镁 31.68 mg/kg，处于缺乏；土壤类型为砖红壤，旱坡地，地势平整，土壤 PH 值 5.25，处于强酸性。

1.2.2 试验方法及田间设置

采用随机区组设计，3 次重复，施用肥料配方设计如表 1：CK 为对照组，常规施肥；T1 为 1/2 常规施肥+125 公斤剑麻有机配方肥；T2 为施用剑麻有机配方肥 250 公斤。各小区面积约 0.16 hm²。试验剑麻 2021 年割第三刀麻，2022 年割第四刀麻。

表 1 生物有机配方肥配方设计

Tab1 Formulation design of bio-organic formula fertilizer

施肥配方 fertilizer formula	尿素 Urea (kg/hm ²)	磷肥 Phosphate fertilizer (kg/hm ²)	氯化钾 potassium chloride (kg/hm ²)	有机肥料 organic fertilizer (kg/hm ²)	生物有机配方肥 bio-organic formula fertilizer (kg/hm ²)	肥料成本 fertilizer cost (yuan/hm ²)
CK	450	1500	450	7500	—	9900
T1	225	750	225	3750	1875	8981.25
T2	—	—	—	—	3750	8062.5

注：肥料价格：尿素 3000 元/t，磷肥 1000 元/t，氯化钾 4000 元/t，有机肥料 700 元/t，有机配方肥 2150 元/t。

Note : Fertilizer price : urea 3000 yuan / t, phosphate fertilizer 1000 yuan / t, potassium chloride 4000 yuan / t, organic fertilizer 700 yuan / t, organic formula fertilizer 2150 yuan / t.

1.2.3 试验经过及田间管理

对照 CK：采用本地区常规田间施肥方法，剑麻采割叶片后，一次性机械培土施下。T1、T2：按

试验设计配好肥，参照常规施肥，一次性机械培土施下。田间防虫除草管理相同。

1.2.4 数据分析

剑麻地土壤样品采集参照鲍士旦《土壤农化分析》第三版^[4]，在剑麻收割叶片前 1 个月内，各处理分别采取五个点 0-20cm 表层土壤混合均匀四分法后，装入自封袋低温冷藏运回实验室，并取一半土样用自封袋密封储存于低温冰箱（-20℃）用于测定土壤微生物量碳、氮，其余土壤样品风干、研磨，分别过筛（2mm）后用于土壤酶和土壤理化性质的测定。在施肥前，每个小区随机挑选 10 株剑麻调查增叶数，并在收割叶片前 1 个月内，每株采集 1 片最长叶片用于调查剑麻叶片生长和测定叶片纤维率。剑麻叶片产量按实际收获统计。

土壤样品测定方法：土壤有机质测定采用高温外热重铬酸钾容量法，全氮测定采用凯氏蒸馏法，碱解氮测定采用碱解扩散中和滴定法，有效磷采用盐酸-1/2 硫酸浸提钼锑抗比色法^[5]，速效钾测定采用乙酸交换 1：10 原子吸收分光光度法，交换性钙和交换性镁测定采用原子吸收分光光度计法，pH 测定采用水（去 CO₂）浸提 1：2.5 点位法；土壤微生物量碳、氮采用氯仿熏蒸-K₂SO₄ 浸提法^[6]；土壤酶活性指标包括蔗糖酶（采用 3,5-二硝基水杨酸比色法测定）、脲酶（采用苯酚钠-次氯酸钠比色法测定）、磷酸酶（采用的是对硝基苯磷酸二钠比色法）、过氧化氢酶活性（采用高锰酸钾滴定法测定），测定方法参照关松荫^[7]的《土壤酶及其研究法》。剑麻叶片样品全氮、磷、钾、钙、镁测定方法：全氮测定采用 H₂SO₄-H₂O₂ 消煮凯氏定氮法^[8]；全磷测定采用 H₂SO₄-H₂O₂ 消煮，钒钼黄比色法^[9]；全钾测定采用 H₂SO₄-H₂O₂ 消煮，火焰光度计法测定^[10]；全钙和全镁测定采用干灰化盐酸溶解，原子吸收分光光度法^[11]。

采用 Microsoft Excel2010 软件完成试验数据统计分析，并用统计软件 SAS 9.0 duncan 新复极差法对调查结果平均值进行方差分析 Fisher's-test (LSD)。

2 结果与分析

2.1 生物有机配方肥连续替代化肥对剑麻地土壤养分的影响

连续两年开展有机配方肥替代化肥试验，由表 2 结果可发现：剑麻地土壤大、中元素存在一定差异，且主要表现在土壤元素有效态方面存在差异，而有机质和全氮三个处理在两年中变化不大，有机质含量主要在 29.04~30.14 g/kg，土壤全氮含量主要在 1.39~1.42 g/kg。土壤元素有效态方面差异主要表现在：2021 年三处理土壤碱解氮含量没有显著差异，2022 年 T1 和 T2 显著高于 CK，T1 和 T2 之间没有明显差异，但 T1 碱解氮含量最高，为 148.59 mg/kg；土壤中有效磷含量，2021 年 CK 和 T1 显著高于 T2，CK 和 T1 之间没有显著差异，但最高是 CK，为 109.35 mg/kg，而 2022 年，CK 和 T1 还是显著高于 T2，CK 和 T1 之间没有显著差异，但最高是 T1，为 94.05 mg/kg；土壤中速效钾含量，2021 年 CK 显著高于 T1 和 T2，T1 和 T2 之间没有显著差异，而最高的 CK，是 190.04 mg/kg，而 2022 年和 2021 年差异性相似，也是 CK 和 T1 显著高于 T2，CK 和 T1 之间没有显著差异，但最高是 T1，为 259.24mg/kg；土壤中交换性钙含量，2021 年 CK 显著高于 T2，与 T1 之间没有显著差异，而 T1 和 T2 之间也没有显著差异，最高是 CK，为 676.10 mg/kg，而 2022 年，最高是 T2，显著高于 CK 和 T1，而 CK 又显著高于 T1，T2、CK、T1、分别为 492.12 mg/kg，428.70 mg/kg、308.84 mg/kg；土壤中交换性镁含量，2021 年 CK 最高，显著高于 T1 和 T2，T2 显著高于 T1，而 2022 年，最高是 T2，显著高于 CK 和 T1，而 CK 又显著高于 T1，T2、CK、T1、分别为 34.14 mg/kg，27.34 mg/kg、17.39 mg/kg。土壤 PH 值：2021 年三个处理存在差异，T2 显著高于 T1 和 CK，而 CK 和 T1 没有明显差异，2022 年土壤 PH 值不存在明显差异，但是 2021 年和 2022 年，T2 处理土壤 PH 值最高，分别为 6.15 和 5.62。因此，施放化肥（CK）能提高土壤有效态元素含量，而施放有机配方肥可以一定程度提高土壤 PH。

表 2 生物有机配方肥替代化肥对土壤养分和 PH 的影响生物

Tab2 Effect on soil nutrients and Ph by bio-organic formulated fertilizer consecutively replaced chemical fertilizer

年份 year	处理 Treatment	有机质 The organic matter (g/kg)	全氮 Total nitrogen (g/kg)	碱解氮 Alkaline hydrolysis nitrogen (mg/kg)	有效磷 The effective phosphorus (mg/kg)	速效钾 Rapidly available po- tassium (mg/kg)	交换性钙 Exchangeable calcium (mg/kg)	交换性镁 Exchangeable magnesium (mg/kg)	PH
2021	CK	29.86±1.12 ^a	1.39±0.04 ^a	149.04±2.38 ^a	109.35±3.52 ^a	190.04±10.22 ^a	676.10±28.12 ^a	71.84±10.01 ^a	5.96±0.05 ^b
	T1	30.14±1.57 ^a	1.41±0.05 ^a	150.09±3.59 ^a	106.10±4.66 ^a	164.29±8.92 ^b	644.41±39.23 ^{ab}	37.75±5.69 ^c	5.95±0.07 ^b
	T2	29.52±1.02 ^a	1.40±0.04 ^a	154.90±4.59 ^a	90.10±5.79 ^b	155.56±11.02 ^b	613.06±26.30 ^b	50.63±9.98 ^b	6.15±0.06 ^a
2022	CK	29.88±1.10 ^a	1.39±0.03 ^a	125.14±3.96 ^b	90.74±6.88 ^a	259.24±14.09 ^a	428.70±28.23 ^b	27.34±5.55 ^b	5.54±0.04 ^a
	T1	29.04±1.23 ^a	1.39±0.02 ^a	148.59±4.97 ^a	94.05±4.92 ^a	232.92±13.07 ^a	308.84±26.98 ^c	17.39±6.68 ^c	5.57±0.05 ^a
	T2	29.23±1.03 ^a	1.42±0.04 ^a	146.63±5.61 ^a	59.53±7.77 ^b	163.44±8.55 ^b	492.12±34.15 ^a	34.14±7.89 ^a	5.62±0.05 ^a

注：同列数字后的不同字母表示处理间差异显著性($p < 0.05$, LSD)。下同。

Note Different letters after numbers in the same column indicate significant difference between treatments ($P < 0.05$, LSD).

2.2 生物有机配方肥连续替代化肥对剑麻地土壤微生物氮碳的影响

土壤微生物生物量是土壤中的活性营养库，调控着土壤养分的转化循环及有效性。土壤微生物生物量碳、氮含量与环境、施肥及作物生长有密切关系。大量研究表明不同有机肥和化肥配合施用对土壤微生物生物量氮影响不同。微生物对施入氮素的固持与释放主要受施入的碳（如有机肥、秸秆等）和氮的种类和数量等因素支配。施入肥料的碳、氮比越高，土壤微生物对肥料氮的固持量越大，释放率降低^[12]。由表 3 可知，2021 年，土壤微生物量碳含量和氮含量都是 T2 最高，分别为 33.87 mg/kg 和 16.81mg/kg，都显著高于 CK，其中土壤微生物量碳含量和氮含量，T1 和 CK 没有明显差异，但 T1 大于 CK。2022 年 T2 土壤微生物量碳含量显著高于 T1，T1 显著高于 CK，分别为 384.80 mg/kg、189.40 mg/kg、21.40 mg/kg，但是土壤微生物量氮含量 T2 显著高于 CK 和 T1，CK 和 T1 之间没有显著差异。从碳氮比方面来看，T2>T1>CK，2021 年分别为 2.01、1.57 和 1.52，2022 年 6.06、6.55 和 0.69。因此，有机配方肥能提高土壤微生物生物量碳、氮含量。

表 3 生物有机配方肥替代化肥对剑麻地土壤微生物碳氮的影响

Tab3 Effect on Soil microbial nitrogen and carbon in sisal field by bio-organic formulated fertilizer consecutively replaced chemical fertilizer

年份 Year	处理 Treatment	土壤微生物量碳 Soil microbial biomass C mg/kg	土壤微生物量氮 Soil microbial biomass N mg/kg	C/N
2021	CK	23.62±1.22 ^b	15.57±0.64 ^b	1.52
	T1	25.75±1.57 ^b	16.45±0.53 ^{ab}	1.57
	T2	33.87±1.85 ^a	16.81±0.71 ^a	2.01
2022	CK	21.40±1.02 ^c	30.90±1.23 ^b	0.69
	T1	189.40±1.23 ^b	28.90±0.98 ^b	6.55
	T2	384.80±1.38 ^a	63.50±2.11 ^a	6.06

2.2 生物有机配方肥连续替代化肥对剑麻地土壤酶活的影响

土壤酶活性是表征土壤质量和土壤肥力的重要指标^[13-14]，在土壤生态系统的物质循环和能量流动方面具有主要的作用^[15]，也是衡量土壤质量变化的预警和敏感指标^[16]。它能表征土壤的综合肥力特征及土壤养分转化进程，预测土壤中各种生物化学过程的强度和方向。酸性磷酸酶、脲酶、蔗糖酶和过氧化氢酶是最常用的土壤酶活性指标，分别是氧化氢和蔗糖的代谢专一酶，对分解土壤过氧化氢，促

进活性碳转化有着重要的作用^[17]。土壤酸性磷酸酶是土壤中的主要水解酶类，是土壤组分中最活跃的有机成分，其活性与碳、氮、磷、硫等营养元素循环及植物营养状况的关系密切。在多数生态系统中土壤酸性磷酸酶活性将会影响碳、氮、磷的迁移转化。已有研究结果表明，土壤酸性磷酸酶能够催化土壤有机磷矿化，提高土壤磷的有效性，由表 4 可知，酸性磷酸酶活性属 CK 最高，2021 年三个处理差异不明显，分别为 719.04 U/g.h、709.90 U/g.h 和 705.76 U/g.h，到了 2022 年 CK 明显高于 T1 和 T2，而 T2 又高于 T1。土壤蔗糖酶是一种水解酶，能够催化土壤中的蔗糖水解为单糖，从而被机体吸收。土壤蔗糖酶的酶促作用产物与土壤中营养元素（如有机质、氮、磷）含量，微生物数量及土壤呼吸强度密切相关，可作为评价土壤肥力的重要指标之一。2021 年和 2022 年，T2 都明显高于 CK 和 T1，而 2021 年 T1 显著高于 CK，其中 2021 年和 2022 年 T2 蔗糖酶活性分别为 10.53 U/g 和 8.91 U/g。土壤脲酶活性，与土壤的微生物数量、有机物质含量、全氮和速效磷含量呈正相关。T2 和 T1 在两年内检测活性都显著高于 CK，但他们之间差异不明显。过氧化氢酶活性对分解土壤过氧化氢，促进活性碳转化有着重要的作用^[18]。T2 在两年内检测活性都显著高于 CK，T1 在 2022 年显著高于 CK。因此，施放有机配方肥一定程度提高了土壤蔗糖酶、脲酶和过氧化氢酶活性，改善了土壤地力。

表 4 生物有机配方肥替代化肥对剑麻地土壤酶活的影响

年份 Year	处理 Treatment	酸性磷酸酶活性 S-ACP (U/g.h)	蔗糖酶活性 SC (U/g)	脲酶活性 S-UE (U/g)	过氧化氢酶活性 S-CAT (U/g)
2021	CK	719.04±23.15 ^a	1.47±0.85 ^c	807.26±59.13 ^b	11.78±0.85 ^b
	T1	709.90±17.12 ^a	4.51±0.74 ^b	916.86±45.16 ^a	12.49±0.79 ^b
	T2	705.76±20.66 ^a	10.53±1.76 ^a	958.91±64.01 ^a	14.90±1.03 ^a
2022	CK	1137.11±50.18 ^a	2.03±0.56 ^b	702.56±46.12 ^b	10.59±0.74 ^b
	T1	892.69±68.14 ^c	2.13±0.29 ^b	936.91±52.29 ^a	12.72±0.81 ^a
	T2	922.02±45.12 ^b	8.91±1.02 ^a	969.51±56.22 ^a	12.88±1.12 ^a

2.4 生物有机配方肥连续替代化肥对剑麻叶片大、中元素和纤维含量的影响

土壤地力的改善一定程度上反映到剑麻叶片元素含量上，由表 5 可知，有机配方肥替代化肥对剑麻叶片部分大、中元素和纤维含量存在明显影响，三个处理的剑麻叶片全氮、全磷含量没有显著差异。剑麻叶片全钾含量在 2021 年 T1 最高，显著高于 CK 和 T2，CK 和 T2 没有显著差异，2022 年 T2 显著高于 CK 和 T1，达到 2.55%。在 2021 年和 2022 年剑麻叶片全钙含量 T2 显著高于 T1 和 CK，而 T1 又显著高于 CK，分别为 2021 年 3.22%、2.87%和 2.76%，2022 年 3.62%、3.48%和 2.95%。剑麻叶片全镁含量在 2021 年和 2022 年都没有明显差异。在 2021 年和 2022 年剑麻叶片纤维含量 T2 显著高于 T1 和 CK，而 T1 又显著高于 CK，分别为 2021 年 3.87%、3.75%和 3.62%，2022 年 4.03%、3.78%和 3.68%。因此，有机配方肥连续替代化肥可以提高剑麻叶片钙和纤维含量。

表 5 生物有机配方肥替代化肥对剑麻叶片大、中元素和纤维含量的影响

年份 Year	处理 Treatment	氮含量 Ni-trogen content(%)	磷含量 phosphorous content(%)	钾含量 potassium content(%)	钙含量 calcium content(%)	镁含量 magnesium content (%)	纤维含量 fiber content (%)
2021	CK	1.16±0.04 ^a	0.08±0.01 ^a	2.49±0.04 ^b	2.76±0.05 ^c	0.46±0.01 ^a	3.62±0.04 ^c
	T1	1.10±0.03 ^a	0.08±0.02 ^a	2.57±0.03 ^a	2.87±0.04 ^b	0.45±0.02 ^a	3.75±0.05 ^b
	T2	1.12±0.04 ^a	0.08±0.02 ^a	2.42±0.05 ^b	3.22±0.06 ^a	0.48±0.02 ^a	3.87±0.06 ^a

2022	CK	1.13±0.05 ^a	0.08±0.02 ^a	2.49±0.03 ^b	2.95±0.05 ^c	0.47±0.01 ^a	3.68±0.05 ^c
	T1	1.14±0.02 ^a	0.08±0.03 ^a	2.49±0.04 ^b	3.48±0.05 ^b	0.46±0.02 ^a	3.78±0.04 ^b
	T2	1.11±0.03 ^a	0.09±0.02 ^a	2.55±0.05 ^a	3.62±0.06 ^a	0.45±0.03 ^a	4.03±0.05 ^a

2.5 生物有机配方肥连续替代化肥对剑麻叶片生长性状和产量的影响

连续施放有机配方肥后,对剑麻叶片生长存在一定影响,主要表现在:如表6可知,剑麻叶长、叶宽及增叶影响较小,没有明显差异,而差异主要表现在单叶重和叶厚,在2021年和2022年剑麻叶片单叶重T2显著高于CK,而T1与CK没有明显差异,2022年T2显著比T1重;在2021年和2022年剑麻叶片厚T2显著厚于CK,而T1与CK没有明显差异,2022年T2和T1叶厚没有明显差异,T2、T1和CK在2021年和2022年叶厚分别为8.01mm、7.32mm、7.04mm和10.70mm、10.25mm、9.89mm。剑麻叶片产量T2、T1与CK没有明显差异,T2、T1和CK在2021年和2022年产量分别为6.51 t/667m²、6.45 t/667m²、6.57 t/667m²和6.11 t/667m²、6.09 t/667m²、6.16 t/667m²。

表6 生物有机配方肥替代化肥对剑麻叶片生长性状和产量的影响

Tab6 Effect on Growth traits and yield of sisal leaves by bio-organic formulated fertilizer consecutively replaced chemical fertilizer

年份 Year	处理 Treatment	单叶重 weight per leaf (g)	叶长 leaf length (cm)	叶宽 leaf width (mm)	叶厚 thick leaves (mm)	增叶 Increasing leaves (片)	产量 Yield (t/667m ²)
2021	CK	423.26±13.12 ^b	111.98±4.56 ^a	106.55±2.56 ^a	7.04±0.51 ^b	14.2±0.3 ^a	6.57±0.14 ^a
	T1	418.98±14.15 ^b	113.54±3.69 ^a	105.82±3.41 ^a	7.32±0.32 ^b	13.8±0.4 ^a	6.45±0.21 ^a
	T2	442.32±10.13 ^a	116.58±3.72 ^a	109.95±3.11 ^a	8.01±0.41 ^a	14.1±0.5 ^a	6.41±0.32 ^a
2022	CK	490.02±10.11 ^b	115.56±2.45 ^a	125.21±3.56 ^a	9.89±0.52 ^b	14.0±0.4 ^a	6.16±0.22 ^a
	T1	507.38±15.19 ^{ab}	118.52±3.68 ^a	126.48±3.54 ^a	10.25±0.41 ^{ab}	13.3±0.6 ^a	6.09±0.24 ^a
	T2	512.78±19.58 ^a	117.84±3.55 ^a	126.12±3.01 ^a	10.70±0.36 ^a	13.7±0.5 ^a	6.11±0.13 ^a

2.6 有机配方肥连续替代化肥对剑麻产量效益的影响

通过施放连续有机配方肥可以节省投入成本,增加效益,由表7可知,T2、T1和CK两年投入的成本分别为16125 yuan/hm²、17962.5 yuan/hm²和19800 yuan/hm²,而两年收入分别为78741 yuan/hm²、78840 yuan/hm²和80014.5 yuan/hm²,最后两年的利润分别为62615 yuan/hm²、60877.5 yuan/hm²和60214.5 yuan/hm²,因此两年内T2比CK增加收入2400.5 yuan/hm²,T1比CK增加收入663 yuan/hm²。

表7 生物有机配方肥连续替代化肥对剑麻产量效益的影响

Tab7 Effect on sisal yield profit by bio-organic formulated fertilizer consecutively replaced chemical fertilizer

年份 Year	处理 Treatment	产量 Yield (t/hm ²)	投入成本 input cost (yuan/hm ²)	麻片收入 income (yuan/hm ²)	利润 Profit (yuan/hm ²)
2021	CK	98.55	9900	38434.5	28534.50
	T1	96.75	8981.25	37732.5	29126.25
	T2	96.15	8062.5	37498.5	28517.25
2022	CK	92.4	9900	41580	31680.00
	T1	91.35	8981.25	41107.5	32501.25
	T2	91.65	8062.5	41242.5	33180.00

注:剑麻叶片收购价:三刀麻叶片390yuan/t,四刀麻叶片450yuan/t。

Note: The purchase price of sisal leaves is 390 yuan / t for three-bladed sisal leaves and 450 yuan / t for four-bladed sisal leaves.

3 讨论

剑麻生物有机配方肥是将有机与无机肥相结合兼加有益功能菌按照一定比例加工造粒,有利于机械施放,肥料养分可以慢慢释放,并通过适当补充 N,以延长旺长期,利用 K 与 Ca 拮抗作用,适当减少钾肥施用量,促进对钙的吸收量,提高抗剑麻茎腐病能力,以增加剑麻叶片产量。本文连续两年施放剑麻生物配方肥的麻地土壤速效钾和交换性钙与传统化肥施放是存在明显差异这种差异表现在 2022 年全施放配方肥土壤速效钾 (163.44 mg/kg) 显著低于传统化肥施放 CK (259.24 mg/kg),但全施放配方肥土壤交换性钙 (492.12 mg/kg) 却显著高于传统化肥施放 CK (428.70 mg/kg),而通过检测麻片全钾和全钙含量,也发现全施放配方肥剑麻叶片全钙含量显著高于传统化肥施放 CK,第一年高对照 CK 0.46 mg/kg,第二年全施放配方肥剑麻叶片全钙含量与传统化肥施放 CK 两者差距到 0.67 mg/kg。由于叶片全钙含量的提升,叶片纤维含量也表现出显著差异,第一年全施放配方肥剑麻叶片全钙含量高传统化肥施放 CK 0.25%,到了第二年这个差距达到了 0.35%,因此,全施生物有机配方肥是有利于促进剑麻对钙的吸收,以致增加了麻片纤维含量。

剑麻全施生物有机配方肥第一年土壤微生物量碳含量 33.87mg/kg,到了第二年再施,麻地土壤微生物量碳含量达到了 384.80 mg/kg,提高了 11.36 倍,相反传统化肥施放 CK 第二年是 21.40mg/kg,仅为第一年的 0.91 倍。土壤微生物量氮含量,施放生物有机配方肥的麻地从第一年 16.81 mg/kg,到第二年的 63.50 mg/kg,增长了 3.78 倍,而传统化肥施放麻地第一年是 15.57mg/kg,第二年是 30.90 mg/kg,只增长了 1.98 倍。说明连续施放生物有机配方肥有能显著提高土壤微生物量碳氮含量。

施放生物有机肥是有利于增强土壤酶活性,而连续施放生物有机配方肥是否可以持续增强土壤酶活,通过文中试验结果分析,施放生物有机配方肥一定程度可以提高土壤蔗糖酶、脲酶和过氧化氢酶活性,改善了土壤地力。

剑麻生物有机配方肥是通过优化传统剑麻化肥施放量,并配合机械化作业,而研制的一种颗粒生物有机配方肥,具有机械方便、改良土壤、价格低等优点,1 公顷投入 3750Kg,成本仅为 8062.5 元,而传统化肥施放 1 公顷需投入 9900 元,通过试验,两者产量没有显著差异,相反剑施放麻生物有机配方肥比传统化肥施放两年时间增加了收入 2400.5 yuan/hm²,这和黄标等研究是一致的。

4、结论

剑麻连续施放生物有机配方肥促进了剑麻对钙吸收利用,麻片全钙含量高传统化肥施放达 0.67 mg/kg,有效提高了麻片纤维含量,麻片纤维含量高传统化肥施放达 0.35mg/kg,同时,剑麻连续施放生物有机配方肥相对常规施肥 (CK) 还能有效提高剑麻地土壤微生物量碳氮含量、蔗糖酶活性、脲酶活性、过氧化氢酶活性,改良土壤性状,减少了化学肥料投入成本,避免化肥过量施放造成流失。通过成本核算,发现两年连续施放剑麻颗粒有机配方肥的剑麻比常规施肥,最高增加了收入 2400.5 yuan/hm²。

参考文献

- [1] 经福林. 剑麻高产栽培管理存在的问题与解决对策[J].热带农业科学,2020,40(7):108-113.
JING F L. Problems of and solutions to high yielding cultivation and management of sisal[J].Chinese Journal of Tropical Agriculture,2020,40(7):108-113.
- [2] 黄标,杨荣,夏李虹,等.剑麻园专用生物配方肥的配制与试验示范及推广[J].热带农业工程,2017,41(3):16-19.
HUANG B, YANG R, XIA LH, HUANG L Y, LI J P, ZHAO J L, QI Q. Preparation and experimental demonstration and popularization of special formula bio-fertilizer for sisal plantation[J].Tropical agricultural engineering,2017,41(3):16-19.
- [3] 广东省土壤普查办公室. 广东土壤[M]. 北京: 科学出版社,1993:448-462.
Soil Census Office of Guangdong Province. Soil in Guangdong [M]. Beijing: Science Press,1993:448-462.
- [4] 鲍士旦.土壤农化分析方[M].北京:中国农业出版社,2005:14-21.
BAO S d . Soil agrochemical analysis method [M]. Beijing: China Agriculture Press,2005:14-21.

- [5] LY/T1232-2015 森林土壤磷的测定[S].
LY/T1232-2015 Determination of phosphorus in forest soil [S].
- [6] 吕盛, 王子芳, 高明, 黄容, 田冬. 秸秆不同还田方式对紫色土微生物量碳、氮、磷及可溶性有机质的影响. 水土保持学报, 2017,31(5): 266-272.
LV S, WANG Z F, GAO M, HUANG R, TIAN D. Effects of different straw returning methods on soil microbial biomass carbon, nitrogen, phosphorus and soluble organic matter in purple soil. Journal of Soil and Water Conservation, 2017, 31(5): 266-272. (in Chinese)
- [7] 关松荫. 土壤酶及其研究法[M]. 北京: 农业出版社, 1986: 274-340.
GUAN S Y. Soil Enzymes and their research methods [M]. Beijing: Agriculture Press, 1986: 274-340.
- [8] 植株全氮含量测定 自动定氮仪法: NY/T2419-2013[S]. 北京: 国家农业部, 2013.
Plant total nitrogen content determination automatic nitrogen analyzer method: NY/T2419-2013[S]. Beijing: Ministry of Agriculture, 2013.
- [9] 植株全磷含量测定 钼锑抗比色法: NY/T2421-2013[S]. 北京: 国家农业部, 2013.
Molybdenum antimony resistance colorimetric method for determination of total phosphorus content in plants: NY/T2421-2013[S]. Beijing: Ministry of Agriculture, 2013.
- [10] 植株全钾含量测定 火焰光度计法: NY/T2420-2013[S]. 北京: 国家农业部, 2013.
Determination of total potassium in plants by flame photometer: NY/T2420-2013[S]. Beijing: Ministry of Agriculture, 2013.
- [11] 韦业建, 廖日艳, 黄霞, 刘逊忠. 有机活性钙镁硅肥对甘蔗产质量及效益的影响[J]. 中国糖料, 2017, 39(6): 40-42.
WEI Y J, LIAO R Y, HUANG X, LIU X Z. Effects of organic activated calcium magnesium silicon fertilizer on yield quality and benefit of sugarcane [J]. China Sugar, 2017, 39(6): 40-42.
- [12] 梁斌, 周建斌, 杨学云. 长期施肥对土壤微生物生物量碳、氮及矿质态氮含量动态变化的影响[J]. 植物营养与肥料学报 2010, 16(2): 321-326.
LIANG B, ZHOU J B, YANG X Y. Effects of long-term fertilization on dynamic changes of soil microbial biomass carbon, nitrogen and mineral nitrogen content [J]. Plant Nutrition and Fertilizer Journal, 2010, 16(2): 321-326.
- [13] 孙亚男, 李茜, 李以康, 林丽, 杜岩功, 曹广民. 氮、磷养分添加对高寒草甸土壤酶活性的影响[J]. 草业学报, 2016(2): 18-26.
Sun Y N, LI Q, LI Y K, LIN L, DU Y G, CAO G M. Effects of nitrogen and phosphorus supplementation on soil enzyme activity in alpine meadow [J]. Acta Prataculturae Sinica, 2016(2): 18-26. (in Chinese)
- [14] Fatemi F R, Fernandez I J, Simon K S, et al. Nitrogen and phosphorus regulation of soil enzyme activities in acid forest soils [J]. Soil Biology & Biochemistry, 2016, 98: 171-179.
- [15] 王理德, 王方琳, 郭春秀, 韩福贵, 魏林源, 李发明. 土壤酶学研究进展[J]. 土壤, 2016, 48(1): 12-21
WANG L D, WANG F L, GUO C X, HAN F G, WEI L Y, LI F M. Invention. Research progress of soil enzymology [J]. Soil Science, 2016, 48(1): 12-21. (in Chinese)
- [16] Zuber S M, Villamil M B. Meta-analysis approach to assess effect of tillage on microbial biomass and enzyme activities [J]. Soil Biology & Biochemistry, 2016, 97: 176-187
- [17] 邓欧平, 谢汀, 李燕, 邓良基. 稻麦轮作下不同还田模式对土壤酶活性的影响研究[J]. 农业环境科学学报, 2013(10): 2027-2034.
DENG O P, XIE T, LI Y, DENG L J. Effects of different returning modes on soil enzyme activity under rice-wheat rotation [J]. Journal of Agro-Environmental Science, 2013(10): 2027-2034.
- [18] 杨佳佳, 安韶山, 张宏, 陈亚南, 党廷辉, 焦菊英. 黄土丘陵区小流域侵蚀环境对土壤微生物量及酶活性的影响[J]. 生态学报, 2015, 35(17): 5666-5674.
YANG J J, AN S S, ZHANG H, CHEN Y N, DANG T H, JIAO J Y. Effects of erosion environment on soil microbial biomass and enzyme activity in small watershed of Loess hilly region [J]. Acta Ecologica Sinica, 2015, 35(17): 5666-5674.

基于 2021-2022 年粤西蔗区甘蔗主要病虫害监测数据的分析及综合防治探索

陈士伟^{1,2}, 吴如慧^{1,2}, 廖锡华³, 徐福生⁵, 徐杨玉^{1,2}, 郑志坤⁴,
易建学⁵, 谢永议⁶, 欧阳司⁷, 林明江^{8*}

(1 广东农垦热带农业研究院有限公司, 广东广州 511365; 2 广东省农垦南亚热带作物科技中心, 广东广州 510507; 3 广东农垦糖业集团有限公司, 广东湛江 524002; 4 广东省广前糖业发展有限公司, 湛江遂溪 524348; 5 广东省华海糖业发展有限公司, 湛江徐闻 524132; 6 广东省丰收糖业发展有限公司, 湛江雷州 524200; 7 广东农垦火炬农场有限公司, 湛江雷州 524272; 8 广东省科学院南繁种业研究所, 广东广州 510310)

摘要: 基于 2021-2022 年粤西蔗区甘蔗条螟及其它主要病虫害监测数据, 进行了较系统的整理、分析和比较, 总结了粤西蔗区近年来条螟的发生规律, 并建立了监测预警技术体系。同时, 通过探索综合防治措施, 为甘蔗病虫害的防治提供了科学依据和实践经验, 对促进粤西蔗区甘蔗产业的可持续发展具有重要意义。

关键词: 粤西地区; 甘蔗; 条螟; 病虫害; 监测; 综合防治

Analysis and Integrated Pest Management Exploration Based on the Monitoring Data of Major Pests and Diseases in the Western Guangdong Sugarcane Region from 2021 to 2022

CHEN Shiwei^{1,2}, WU Ruhui^{1,2}, LIAO Xihua³, XU Fusheng⁵, XU Yangyu^{1,2}, ZHENG Zhikun⁴, YI Jianxue⁵,
XIE Yongyi⁶, OUYANG Si⁷, LIN Mingjiang^{8*}

(1 Guangdong Agribusiness Tropical Agriculture Institute, Guangzhou, Guangdong 511365; 2 Guangdong State Farms South Subtropical Crop Science & Technology Center, Guangzhou, Guangdong 510507; 3 Guangdong Guangken Sugar Group Co.Ltd, Zhanjiang, Guangdong 524002; 4 Guangqian Sugar Industry Development Co. Ltd., Suixi, Guangdong 524348; 5 Guangdong Huahai Sugar Industry Development Co.Ltd, Xuwen, Zhanjiang 524132; 6 Guangdong Province Harvest Sugar Industry Development Co.Ltd, Leizhou, Zhanjiang 524200; 7 Guangdong Nongken Torch Farm Co.Ltd, Leizhou, Zhanjiang 524272; 8 Institute of Nanfan & Seed Industry, Guangdong Academy of Sciences, Guangzhou, Guangdong 510310)

Abstract : Based on the monitoring data of *Proceras venosatum* Walker and other major pests and diseases in the western Guangdong sugarcane region from 2021 to 2022, a systematic organization, analysis, and comparison were conducted. The study summarized the occurrence patterns of *Proceras venosatum* Walker in the western Guangdong sugarcane region in recent years, and a monitoring and warning technology system was established. At the same time, exploring comprehensive prevention and control measures provides scientific basis and practical experience for the prevention and control of sugarcane diseases and pests, which is of great significance for promoting the sustainable development of the sugarcane industry in the western Guangdong sugarcane region.

Key words: Western Guangdong region; Sugarcane; *Proceras venosatum* Walker; Diseases and insect pests; Monitoring; Integrated pest management

第一作者 陈士伟 (1980—), 男, 硕士, 热作高级工程师, 主要研究方向为植物保护、农业管理与推广, E-mail: 94169837@qq.com。

*通讯作者: 林明江(1972-), 男, 硕士, 研究员, 主要研究方向为从事昆虫信息素与生物防治技术, E-mail: lmjiang@163.com。

不同光质 LED 补光对火龙果激素含量的影响

陈士伟^{1,2}, 徐杨玉^{1,2}, 吴如慧^{1,2}, 张曼其³, 姚雷业³, 伍兆诚^{1,2},
段门俊^{1,2}, 袁志能^{1,2}, 李栋宇^{4**}

1.广东省农垦亚热带作物科技中心, 广东广州 510506; 2.广东农垦热带农业研究院有限公司, 广东广州 511365;
3.广东省湛江农垦科学研究所, 广东湛江 524000; 4.岭南师范学院 LED 前沿技术与利用研究所, 广东湛江 524048

摘要: 选用金都一号火龙果为试验材料, 设红光、绿光、蓝光比例分别为 23:75:2、19:79:2、18:78:4、24:73:3、16:80:4 的 LED 灯作为补光处理, 以不采取补光措施 CK 作为对照, 同时设定最佳补光时间段 (22:30-02:30)。通过比较不同光质 LED 补光对火龙果激素 (IAA、ABA、CZR、TZR、GA3) 含量的变化规律, 进一步分析花芽分化的调控机制。结果表明: 不同光质补光处理下, 火龙果五种内源激素含量变化规律是: IAA>ABA>TZR>CZR>GA3, 其中激素 (IAA、ABA、CZR、TZR) 与火龙果花芽分化有正相关性、激素 (GA3) 与火龙果花芽分化有负相关性。火龙果五种激素间平衡互作的影响: 补光组 CZR/IAA 与 TZR/IAA 的比值均高于对照组。结论: 补光可调控火龙果植株激素含量, 促进 IAA、ABA、CZR、TZR 合成, 抑制 GA3 合成, 从而促进火龙果成花, 且红光: 绿光: 蓝光比例为 23:75:2 时, 促进花芽分化的效果最佳。

关键词: 火龙果; LED 灯; 激素; 花芽分化

Effects of LEDs Spectra on the Hormone Content of Pitaya

CHEN Shiwei^{1,2}, XU Yangyu^{1,2}, WU Ruhui^{1,2}, ZHANG Manqi³, YAO Leiye³, WU Zhaocheng^{1,2}, DUAN Menjun^{1,2}, YUAN Zhineng^{1,2}, LI Dongyu^{4**}

Guangdong Agricultural Reclamation South Asian Tropical Crop Science and Technology Center, Guangzhou, Guangdong 510506, China; 2. Guangdong Agribusiness Tropical Agriculture Institute Co., Ltd. Guangzhou, Guangdong 511365, China; 3. Zhanjiang Agricultural Reclamation Science Research Institute, Zhanjiang, Guangdong 524000, China; 4. Lingnan Normal University LED Frontier Technology and Utilization Research Institute, Zhanjiang, Guangdong 524048, China

Abstract: Jindu No.1 pitaya was selected as the experimental material, and LEDs with red, green, and blue light ratios of 23:75:2, 19:79:2, 18:78:4, 24:73:3, and 16:80:4 were used as supplementary lighting treatment. CK without supplementary lighting measures was used as the control, and the optimal supplementary lighting time period (22:30-02:30) was set. By comparing the changes of the contents of IAA, ABA, CZR, TZR, GA3 in pitaya fruit under different light quality LED light, the regulation mechanism of flower bud differentiation was further analyzed. The results showed that under different light quality supplementary treatments, the changes in the content of five hormones in pitaya were as follows: IAA>ABA>TZR>CZR>GA3. Among them, IAA, ABA, CZR, TZR were positively correlated with pitaya flower bud differentiation, while GA3 was negatively correlated with pitaya flower bud differentiation. The effect of balance interaction among the five hormones in pitaya: The ratio of CZR/IAA and TZR/IAA in the light supplement group was higher than that in the control group. Conclusion: Supplementing light can regulate the hormones content of pitaya, promote the synthesis of IAA, ABA, CZR, TZR, inhibit GA3 synthesis, and promote the flower bud differentiation of pitaya. The best effect is to promote flower bud differentiation when the ratio of red, green and blue light is 23:75:2.

Keywords: Pitaya; LED lights; Hormones; Flower bud differentiation

基金项目 2020 年农业农村部农业生产发展资金项目 (No.2130122); 2020 年度湛江市科技发展专项资金竞争性分配项目 (No.2020A03003); 2019 年度广东省普通高校“服务乡村振兴计划”重点领域专项 (No.2019KZDZX2008)。

第一作者 陈士伟 (1980—), 男, 硕士, 热作高级工程师, 主要研究方向为植物保护、农业管理与推广, E-mail: 94169837@qq.com。

通讯作者 李栋宇 (1984—), 男, 博士, 教授, 主要研究方向为光谱农业和发光材料与器件, E-mail: nanorainbows@163.com。

湛江蔗区螟虫动态监测

摘要: 甘蔗螟虫是甘蔗主要虫害之一,严重影响甘蔗生长,为摸清湛江蔗区螟虫种群结构及螟虫发生规律,在湛江雷州丰收蔗区及遂溪广前蔗区各设置螟虫监测点,以黄螟、条螟、二点螟、白螟、草地贪夜蛾与粘虫为监测对象,使用螟虫性诱剂诱捕螟虫成虫,定期调查各螟虫数量,总结螟虫发生规律。监测结果显示,湛江雷州丰收蔗区螟虫优势种群为黄螟、条螟,遂溪广前蔗区螟虫优势种群为黄螟。

关键词: 甘蔗; 螟虫; 性诱剂; 监测

Dynamic monitoring of sugarcane borers in Zhanjiang sugarcane region

Abstract: Sugarcane borer is one of the main pests in sugarcane, which seriously affects the growth of sugarcane. In order to understand the population structure and occurrence patterns of sugarcane borers in the Zhanjiang sugarcane growing area, monitoring points for sugarcane borers were set up in the Leizhou high-yield sugarcane growing area and Suixi Guangqian sugarcane growing area in Zhanjiang. Yellow borers, striped borers, two point borers, white borers, grassland armyworm, and armyworm were monitored, and moths were used as bait to trap adult borers. The number of each borer was regularly surveyed and the occurrence patterns of borers were summarized. The monitoring results show that the dominant populations of stem borers in the high-yield sugarcane area of Leizhou, Zhanjiang are yellow stem borer and striped stem borer, while the dominant population of stem borers in the Guangqian sugarcane area of Suixi is yellow stem borer.

Keywords: sugarcane; borer; pheromone; monitoring

基于国内剑麻产业形势视角下分析探讨广东垦区剑麻 产业发展新路径

张光辉¹, 何韶², 李德山¹, 陈小武¹, 刘辉², 邓永忠²

1 广东省东方剑麻集团有限公司, 广东湛江 524022

2 广东农垦东方剑麻有限责任公司, 广东湛江雷州 524200

Based on the domestic sisal industry situation, analyzes and discusses the new development path of sisal industry in Guangdong reclamation area

ZHANG Guanghui¹, HE Shao², LI Deshan³, CHEN Xiaowu¹, LIU Hui², DENG Yongzhong²

1 Guangdong Dongfang Sisal Group Co.Ltd, Zhanjiang Guangdong 524022 China

2 Guangdong Guangken Dongfang Sisal Co.Ltd, Leizhou, Zhanjiang, Guangdong 524200, China

摘要 广东垦区立足传统剑麻产业, 遵循“立足产业、补齐短板、提高效能”的原则, 以高质量发展为总基调, 主动对标市场, 积极实践新技术、新方法和新措施, 努力建设成为全国最优质的纤维原料生产示范基地, 壮大剑麻产业。并结合当前生产、加工和销售情况, 分析剑麻产业国内形势, 提出今后剑麻产业发展的新路径。

关键词 剑麻产业; 广东垦区; 发展路径

Abstract Based on the traditional sisal industry, follows the principle of "Aims at industry, picks up for shortcomings, improving efficiency", Guangdong agribusiness takes high-quality development as the general tone to construct the best fiber raw material production demonstration base with new technologies, new methods and new measures. Combining with the current production processing and sales, we analyzed the domestic situation of sisal industry and proposed a new path for sisal industry development.

Key Words sisal industry; Guangdong agribusiness; development path.

剑麻全身是宝, 是我国热区特色经济作物之一, 也是广东垦区种植历史悠久的作物之一。2022 年垦区剑麻产业在两级农垦集团公司的领导下得到进一步恢复, 产业整体发展稳定。主要表现在: 一是垦区剑麻产业依托万吨剑麻制品精深加工项目, 建立起齐全的剑麻产业链, 剑麻收获面积、叶片总产和单产量增加, 纤维加工量、优级纤维生产量增长, 剑麻加工制品结构稳定、逐步转型生产高品质产品, 品牌建设效果明显, 产品营销正常推进; 二是剑麻产品市场需求结构发生变化, 剑麻纤维全球性供不应求, 目前中国是世界上最大的剑麻纤维进口国, 尤其是高档纤维供应更加紧张, 进口价格不断波动, 非洲剑麻纤维到岸价已升至 14500 元/吨; 剑麻抛光布、剑麻地毯、剑麻绳等传统品种市场竞争激烈, 价格下滑, 利润空间被压缩, 行业内以传统产品生产为主的私营企业普遍生存压力大; 而新产品

收稿日期 2023-07-16

作者简介 张光辉(1982-), 男, 热作加工工程师; 专业方向: 剑麻产品加工、质检、标准化及农业技术推广。

E-mail: zhgh301@163.com

通讯作者 陈小武(1968-), 男, 热作机械工程师, 生产经营部负责人。

和技术含量较高的产品，如高品质纤维、高支纱、高速电梯钢丝绳芯、高档纸浆、电容纸、复合新材料和工艺墙纸等产品销路看好，利润空间较大。目前在国际市场不明朗的情况下，对国内剑麻制品行业冲击较大，挑战和机遇共存，产品高质量发展成为企业的“分水岭”。垦区剑麻产业按照两级农垦集团公司的“十四五”布局，落实省农垦“1339”战略，实施“十大”行动，采取抓原料、改工艺、提质量、强效率、降成本、“走出去”、发产品等措施，确保在剑麻行业洗牌中求生存、谋发展、有成就。现从国内行业形势、垦区剑麻产业情况及垦区剑麻产业发展出路三个方面，分析探讨广东垦区剑麻产业发展的新路径。

1 国内剑麻行业形势

1.1 剑麻主要产品及应用

剑麻全身都是宝，其纤维质地坚韧，耐磨、耐盐碱、耐腐蚀，广泛应用于运输、渔业、石油、冶金、建筑、日用、军工等各种行业，叶肉富含皂素、SOD、叶绿素、果胶等，具有重要健食、美容、制药等开发价值^[1]。

剑麻纤维主要用于制作剑麻白棕绳（宠物绳）、剑麻纱条、剑麻地毯、剑麻抛光布、门口垫、絮垫、工艺品、墙纸、剑麻钢丝绳芯和复合材料等 20 多个系列 500 多个规格品种^[2]。剑麻纱、剑麻抛光轮布和剑麻白棕绳为初加工剑麻制品。剑麻白棕绳主要用于船缆、石油（矿）开采等特殊行业，现多为日常捆绑和装饰使用，部分规格小的绳（宠物绳）为工艺品制作使用；剑麻粗纱主要应用为制作剑麻地毯和剑麻麻布，其中的高支纱（细纱）应用于剑麻钢丝绳芯等使用；剑麻布应用于制作剑麻抛光轮作为抛光材料或宠物制品；剑麻钢丝绳芯应用于矿产、电梯等特殊使用的钢丝绳，是近年来应用较广的产品。

1.2 剑麻行业近年价格情况

2013 年以来，随着我国经济快速发展，房地产增长迅猛，带动剑麻制品需求大幅增长，剑麻抛光布、剑麻纱、剑麻绳、钢丝绳芯等缺口较大，一度出现供不应求状态。国内剑麻纤维 2013 年下半年才开始涨价，升价迟是因行业各层级分配不合理；经 2013 年剑麻专业委员会在上海召开行业会议，协调产业链条合理分配产业红利后，纤维原料从 6500 元/吨上升至 10000 元/吨，2015 年涨至 13500 元/吨，制品价格也跟着一路飙升，2015 年剑麻白棕绳达到 19000 元/吨，剑麻布达 18800 元/吨，剑麻纱（0.6 支）达到 18500 元/吨，2017 年钢丝绳芯用纱（0.8 支及以上）达到 25000 元/吨以上，之后因受国际经济环境、国内生产成本的增加及行业竞争等因素影响，高端产品价格稳定，传统产品稳中有降，纤维原料因一直供应紧张而稳中有升。2018 年随着国家对房地产的调控，行业需求下降，剑麻制品需求增长乏力，被看好的钢丝绳芯市场价格一路走低，目前 0.8 支纱线价格也降到了 19000 元/吨左右，利润空间非常小。近几年受疫情和国际局势影响，剑麻制品市场进入有史最低迷状态。下游抛光市场订单大幅减少，剑麻抛光布市场需求大幅下降，多数小厂开工量严重不足，普通麻布市场价格也是降到 15600 元/吨左右。剑麻产业因疫情使物流受阻，多家出口贸易企业和下游加工企业货物出货时间变长，影响整年出货量；钢丝绳芯的需求的下降，导致高支纱需求大幅下降，造成今年剑麻制品市场进一步萎缩。

1.3 剑麻行业面临风险

一是行业传统产品产能过剩。由于进入门槛较低，前期市场波动使很多个人投资建设麻布厂、麻绳厂，产能迅速扩张。在下游需求增加乏力的情况下，行业竞争加剧，剑麻传统产品利润空间非常小，企业库存增加，产业发展困难。

二是主要产品需求减少。随着房地产的降温，国内未来几年抛光耗材的需求会逐步降低，国内剑麻抛光布需求量也会有所下降。剑麻宠物绳市场以化纤绳（pp 材料）替代品出现后产量需求就一直在缩减，市场总量大幅缩减。剑麻钢丝绳芯的需求自 2018 年房地产到达顶峰后就开始下降，因剑麻钢丝绳芯自身造价高问题，也开始有部分化纤替代品出现，更是加快剑麻钢丝绳芯的产品需求被缩减。剑

麻地毯主要是消费市场在欧美,经过 2008 年的金融危机后,市场需求大幅减少,经过多年也未能恢复,2020 年疫情爆发后,由于物流成本急速上涨和欧美经济的下滑,国外订单进一步减少。在主流产品市场需求缩减、替代品威胁和新应用产品开发缓慢的情况下,行业市场风险逐步加大,未来 2-3 年剑麻行业中生存是企业面临的巨大挑战。

三是剑麻新应用开发不足。剑麻行业是市场规模不大的特色行业,行业技术和产品研发投入不足,剑麻新应用开发严重滞后,主流产品经历几十年的发展,部分被其他材料产品替代,经济发展周期变化,使整个行业进入了发展瓶颈阶段。

1.4 剑麻行业发展机遇

随着市场需求的缩小,产品利润空间会逐步降低,未来 2-3 年将是行业竞争最激烈的时期,产品质量和企业品牌是企业生存的保障。通过激烈竞争者,粗放加工的中小企业会逐步退出行业,行业将淘汰大部分的落后产能,逐步走向高质量高标准产品方向发展,行业重新洗牌对于大企业来说是很好的机遇。例如广垦剑麻近年通过两级产业园建设项目,完成了制品加工产能升级与整合、建成了高标准剑麻种植示范基地,同时也储备了一批熟练技术职工,企业利用先进设备产能和自产纤维的特点优势,及时向高品质产品转型,获得了市场较好的认可,品牌塑造取得了较好的效果,因此在今年市场非常低迷的情况下,产销同比依然略有增长。企业结合自身优势,通过提升产品质量树立企业品牌,保持行业竞争优势,定能在行业中求得生存,逐步获得较大市场份额。

2 广东垦区剑麻产业基本情况

2.1 农业基本情况

广东农垦是我国剑麻的主栽培区,其发展剑麻产业历史长达 70 多年,已建立了集剑麻种质资源、种植、加工、贸易产业链条齐全的剑麻优势产区,形成了剑麻种苗、剑麻纤维、制品到剑麻废渣、废水综合利用的循环经济产业链。2022 年底垦区剑麻总面积恢复到 3131.14 公顷,其中约 2667 公顷为 2013 年以后种植的抗紫色卷叶病种苗。2016-2021 年年均新增剑麻种植面积 429 公顷,剑麻收获面积逐年增加,2022 年计划收获面积 2213 公顷,是 2016 年的 1.49 倍(图 1)。剑麻叶片产量逐年增加,2022 年计划收获叶片产量 13 万吨,是 2016 年的 2.07 倍(图 2)。2022 年累计收获剑麻叶片产量 13.6 万吨,完成年度计划的 104.8%,比去年同期增长 5.4%,平均单产为 4.22 吨/亩(表 1)。

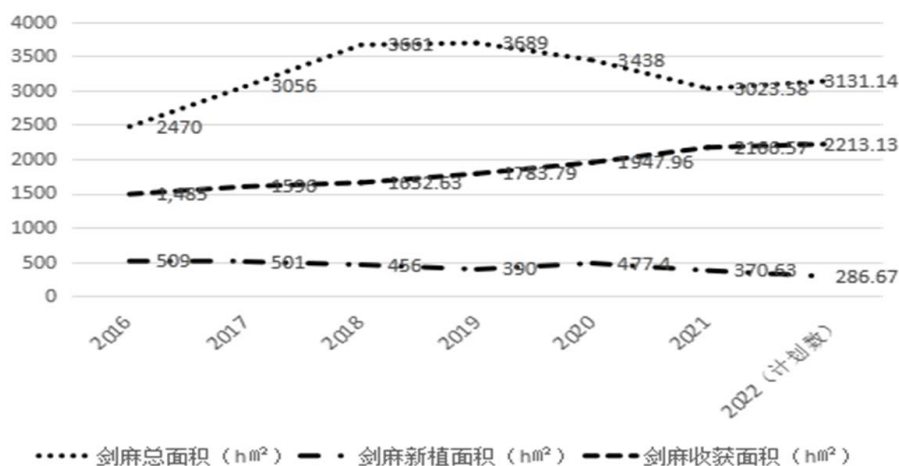


图 1 2016-2022 年广东垦区剑麻种植情况

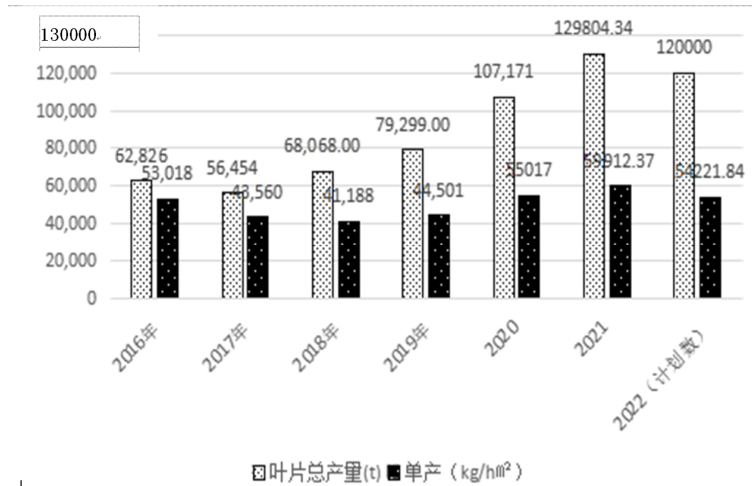


图 2 2016-2022 年湛江垦区剑麻叶片产量情况

表 1 2022 年湛江垦区剑麻叶片收获情况

累计完成产量 (吨)	完成年度计划比例 (%)	上年同期累计产量(吨)	累计产量同比 (%)	平均亩产 (吨/亩)
136184.19	104.8	129202.20	5.40	4.22

2.2 加工业情况

我公司下属的剑麻农场是垦区剑麻叶片加工的专业企业，近年来随着垦区剑麻收割叶片的增长和质量的提升，剑麻纤维加工产量和优级纤维产量持续增长，剑麻制品质量也稳定提升。2018 年以来垦区剑麻产业先后获得绿色循环优质高效农业生产发展资金项目、广东省现代农业产业园和国家现代农业产业园项目资金支持，各级主管部门也加大了对剑麻产业管理，垦区剑麻产业得到很好的恢复和发展，剑麻纤维和制品产销量持续增长。

2022 年计划生产纤维 5135 吨，实际生产剑麻纤维 5400 吨，比上年产量增加 556 吨，增长 8.94%，产量创近些年新高（图 3）。纤维质量比较稳定，近 5 年来纤维抽出率均维持在 3.8%~4.1%之间（2018 年后因新开割麻占大半，预计 2025 年后将可恢复到 4.3%以上），2022 年纤维抽出率为 3.97%。

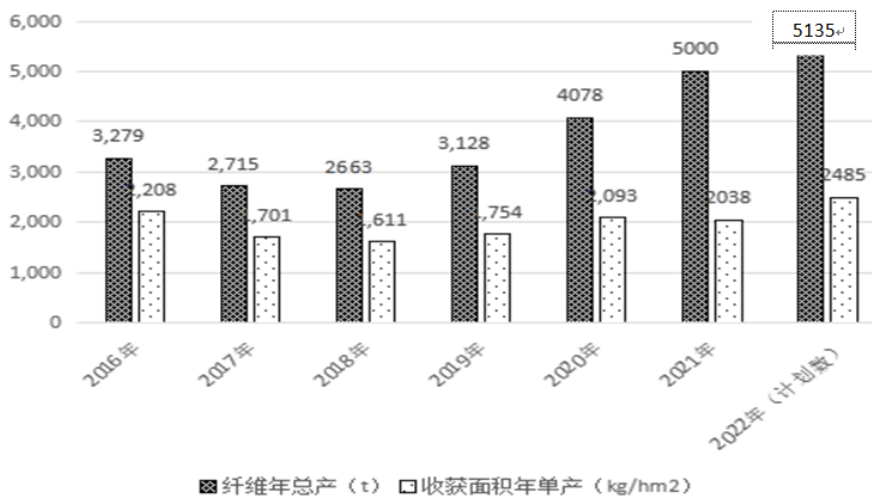


图 3 2016-2022 年湛江垦区剑麻纤维产量情况

表 2 2016-2022 年湛江垦区剑麻叶片抽纤率情况

年 度	2016 年	2017 年	2018 年	2019 年	2020 年 ^[3]	2021 年	2022 年
叶片总产量, 吨	62,826	56,454	68,068	79,299	107,171	129,804	136,184
纤维年总产, 吨	3279	2715	2663	3128	4078	4957	5400
抽纤率, %	5.22	4.81	3.91	3.94	3.81	3.85	3.97

剑麻制品加工主要为剑麻纱条、剑麻布和剑麻绳等, 2022 年完成剑麻制品加工 5600 吨, 同比增长 13.86%, 完成制品销售 5100 吨, 同比增长 10.74% (表 3)。

单位: 吨、元/吨

产品名称	生产				销售			
	2019 年	2020 年	2021 年	2022 年	2019 年	2020 年	2021 年	2022 年
剑麻纤维	3128	4078	4957	5400	474	1224	1507	1500
其中: 抛光纤	146	167	417	600	144	123	418	134
剑麻纱条	1387	1179	2022	3700	1143	1186	1726	3300
剑麻布	778	726	686	750	770	724	823	700
剑麻绳	1479	1945	2116	1150	1533	1931	2003	1100
制品小计	3644	3850	4824	5600	3446	3841	4552	5100

表 3 2019-2022 年主要产品生产和销售情况

2.3 剑麻产业存在问题

一是农业生产长期亏损。2015 年国内外剑麻纤维市价稳中有升, 且供不应求, 正常情况下本应按纤维原料价折四刀麻叶片价格为 (3.6%) 450~500 元/吨, 但因湛江垦区遭遇外来生物新菠萝灰粉蚧及紫色卷叶病严重危害, 近年采收的麻叶多是有病麻或新种麻, 叶片质量普遍降低, 加上加工单位处在技改、提质的大投入期, 工业无力反哺农业, 只能按四刀次及以上剑麻叶片收购价维持在 450 元/吨左右。但农业生产中种麻、割麻、抚管仍以人工为主, 劳动强度大且机械化程度不高, 随着劳力成本和生产资料的不断高涨, 农业生产成本上涨, 农业生产自 2015 年以来一直处于亏损经营状态 (主要是病害问题), 到 2021 年因新种麻逐渐投产, 有的农场开始转亏为盈 (如东方红农场), 因剑麻叶片收购价不提价, 农业面盈利能力差, 农户种麻意愿不强, 产业种植规模扩大稳定性不足。

二是剑麻产业研发及市场推广能力不强。垦区剑麻在国内有几十年的发展历程, 但始终在新技术、新产品及新应用方面开拓不足, 市场信息敏感性不够, 现主要产品依旧为剑麻绳、剑麻布、剑麻纱、剑麻地毯等比较传统且附加值低的产品, 近十年未有新产品、高附加值产品出现, 部分产品逐步被化纤及其他麻类替代^[4]。

三、垦区剑麻发展出路

一是加强剑麻种植基地管理, 提高叶片和纤维单产水平, 纳入农业生产保险机制, 使基地向高产优质方向转变, 以满足市场对高档产品的需求, 获取良好效益。

二是强化产品质量管理, 加强工艺技改, 以高质量发展为新动能, 提高生产效率和产品质量, 确保在行业洗牌中能生存。依托万吨剑麻制品精深加工项目, 做好制品整体质量提升, 向高质量高品质产品转型, 塑造好的产品和企业品牌, 提升在行业内的竞争力。

三是深化对标管理, 压缩整体生产成本和缩减费用支出, 提升经营效益。提升剑麻农业作业机械化水平, 提升种植管理效率, 降低农业生产成本; 提升纤维加工自动化水平, 降低纤维生产成本; 提

升制品加工和管理效率，严控生产物料采购成本，降低产品生产成本。对标行业先进管理水平企业，逐步降低生产经营成本，提升整体经营管理水平。

四是“走出去”发展。加强与中垦、中非农业公司等合作关系，开拓纤维贸易业务，通过发展海外加工、纤维收储和贸易业务，提升纤维供应保障能力和行业主动权。利用纤维加工成熟技术优势，开展技术“走出去”，与有实力和资源的企业合作开办纤维加工厂，增加剑麻纤维生产和供应量。目前垦区纤维产量虽有一定的恢复，年产达到 5500 吨左右，基本满足公司已有制品市场的用量，但与垦区剑麻产业园总体规划效果还有一定的差距。因此未来随着市场占有率的逐步扩大，进口纤维是必然的选择。

五是开发新产品应用。根据行业内对各种剑麻纤维使用和实验检测数据对比，进口纤维和广西产的纤维粗糙、硬度大，比较适合普通产品加工，广东垦区产的纤维具有柔软、纤细的特点，适合纤维加工高质量产品。垦区剑麻应利用自身纤维优势，开发新产品应用，如开发宠物用品，国内宠物行业近年来快速增长，宠物用品需求不断增长，目前有部分剑麻产品已应用到宠物用品上，继续开发新应用产品能有效开拓剑麻市场空间；如开发以剑麻纤维为材料的高档装修装饰产品；如开发工艺品，扩大染色纤维及高支纱的使用需求。综合利用方面，尝试改初加工工艺，让麻水先出，以方便提取皂素、SOD、叶绿素、果胶等高价值产品，同时加快高价值产品的提取及研发应用，以提高综合效益。

六是坚持党管国企，立足企业自身资源和技术优势，聚焦圈内深耕，谋划长远发展，提升服务消费者的能力和市场满意度，构建国有企业的核心竞争力；另一方面加大科技创新力量投入，打造产业联盟，以创新培育壮大高质量发展的新动能。

参考文献

- [1] 中国热带作物学会.陈叶海, 陈士伟, 黄香武主编 剑麻产业与技术发展路线图[M].中国科学技术出版社.2023.
- [2] 毛丽君, 赵家流, 郭继阳, 张光辉, 吴良等. 广东农垦剑麻产业发展现状存在问题及对策建议[J]. 农业与技术, 2022: 132-135.
- [3] 湛江农垦志编纂委员会. 湛江农垦志 [M]. 广州: 广东人民出版社, 2022.
- [4] 2016-2022 年广东农垦统计年报资料汇编.

火炬农场剑麻产业发展问题与对策探讨

揭育其,吴坎军,欧阳司

(广东农垦火炬农场有限公司,广东湛江 524000)

摘要: 概括了广东农垦火炬农场有限公司近几年来剑麻产业种植经营管理现状,分析了剑麻产业发展中存在的问题和制约因素,并提出了相应的发展对策和思路。

关键词: 剑麻、制约因素、发展对策和思路

Probe into the problems and countermeasures of the development of sisal industry in torch farm

Jieyuqi 1, Wu Kanjun 1, Ouyang Si 1

1 Guangdong Nongken Torch Farm Co., Ltd., Guangdong Zhanjiang 524000

Abstract This article summarizes the current situation of sisal cultivation management of Guangdong Nongken Torch Farm Co., Ltd. in recent years, this paper analyzes on the problems and restrictive factors existing in the development of sisal hemp industry, and advances some corresponding countermeasures and ideas for its development.

Key Words sisal hemp, restrictive factors, development countermeasures and ideas

剑麻是一种多年生硬质纤维作物,是我国热带、亚热带种植的重要经济作物,其制品广泛运用于纺织、船舶运输、医药、化工等方面,是一种不可或缺的原材料,同时也是国家战略能源物资之一。剑麻具有喜高温、耐干旱、适应性强等特点。适宜生长的气温为 21-37℃,最适温度为 25℃,适宜生长的年雨量为 1200-1800mm。在阳光充足、排水良好微碱性而肥沃的砂质壤土,均能生长良好。

目前我国剑麻种植区主要分布在广西、广东和海南部分地区。经过几十年的发展,种植面积和产量已进入世界前列,成为世界剑麻生产大国。但我国剑麻总量不能满足国内需求,1/3 以上剑麻纤维依赖进口。近几年,受全球经济萎靡影响,剑麻销售价格下滑,导致新

植剑麻越来越少。为适应剑麻产业面临的新形势,进一步提高火炬农场剑麻产业的经济效益和探索剑麻产业新的盈利点,实现降本增效,扭亏增盈,根据农场的剑麻产业发展现状,提出剑麻产业进一步发展对策和思路。

1 剑麻产业发展现状

1.1 农场基本情况

广东农垦火炬农场有限公司创建于 1952 年,隶属于湛江农垦集团有限公司(农垦局),现有土地总面积 12 万多亩,位于广东省雷州半岛西海岸。属南亚热带海洋性季风气候,夏热冬凉,日照充足,全年气温较高,年平均气温 23℃,年平均降雨量 1273 毫米。地貌属于雷州半岛低丘缓坡台地形,地势南部较高,逐渐向北部倾斜,地面坡度多在 5 度以下,全为旱坡地,连片集中,便于机械化、水利化等现代农业建设。土质为玄武岩砖红壤和水化砖红壤,两种土层均在 1.5 米以上,具有一定肥力。

1.2 剑麻产业发展历程

60 年代末,火炬农场结合自身气候条件和资源优势,加上国家对硬质纤维的急需,开始大面积发展种植剑麻,经过 10 多年摸索和壮大,到 1989 年末火炬农场剑麻面积达到 1.5 万亩,收获面积达到 1.2

万亩,叶片产量到达历史最高,突破 5 万吨,并从 1989 年—2002 年的 14 年时间里保持剑麻种植面积万亩以上,生产剑麻叶片 3 万吨以上,由此奠定了剑麻主导产业的地位。

2014 年受到强台风“威马逊”和“海鸥”双重影响,火炬农场剑麻产业遭受毁灭性打击,所有开割麻被台风严重吹伤,并爆发茎腐病和紫色卷叶病,面临基本要全部淘汰。到 2015 年末,农场剑麻面积仅为 0.2325 万亩,历史最低。但是随着国际经济复苏,剑麻纤维需求量不断提升,作为广东省火炬农场第三大支柱产业的剑麻,一直倍受农场领导重视,在了解国内剑麻市场状况,分析剑麻生产中存在的问题后,制定了农场剑麻发展计划。2016 年以来,每年规划不断增加剑麻种植面积,由图 1 可知,截止到 2022 年底农场剑麻种植面积达到 6154.67 亩(国营剑麻面积 5736.37 亩,占比为 93.2%;职工种植剑麻面积 418.3 亩,占比为 6.8%),其中开割麻 4671.47 亩,抚管麻 1483.2 亩。开割麻面积占总面积的 75.9%,并选育海南抗性剑麻苗 29 万株。麻片产量也不断提升,由 2016 年的 2054 吨提升到 2022 年的 19343.14 吨。

图1

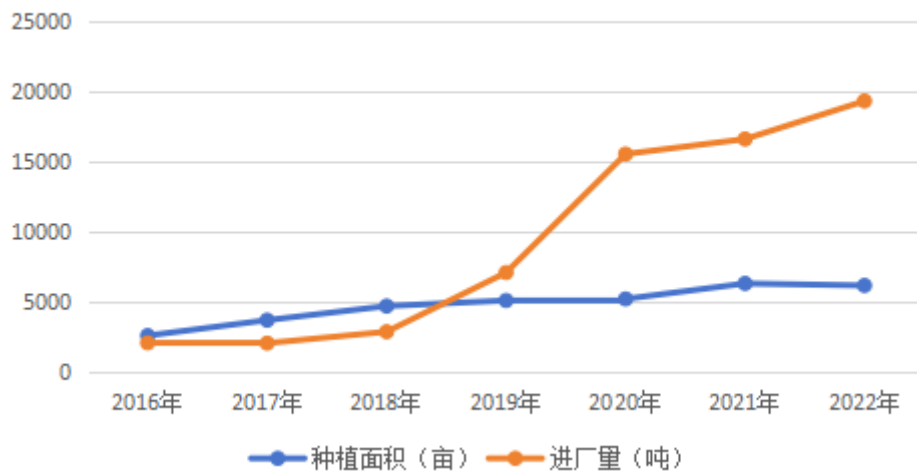


图 1 火炬农场 2016 年-2022 年剑麻生产情况
Fig.1 sisal production in torch farm from 2016 to 2022

1.3 剑麻机械化管理情况

现代农业机械化技术促进了农场剑麻产业体系的升级,实施科学的管理措施,积极推动剑麻产业科学发展。近几年来,火炬农场不断加强剑麻产业机械化管理水平(如图 2 可知),截止到 2022 年采用机械化田管施肥面积 6000 多亩、机械化除草 9000 多亩次、机械化防病约 6000 多亩,但还未能实现机械化种植和割麻工作。

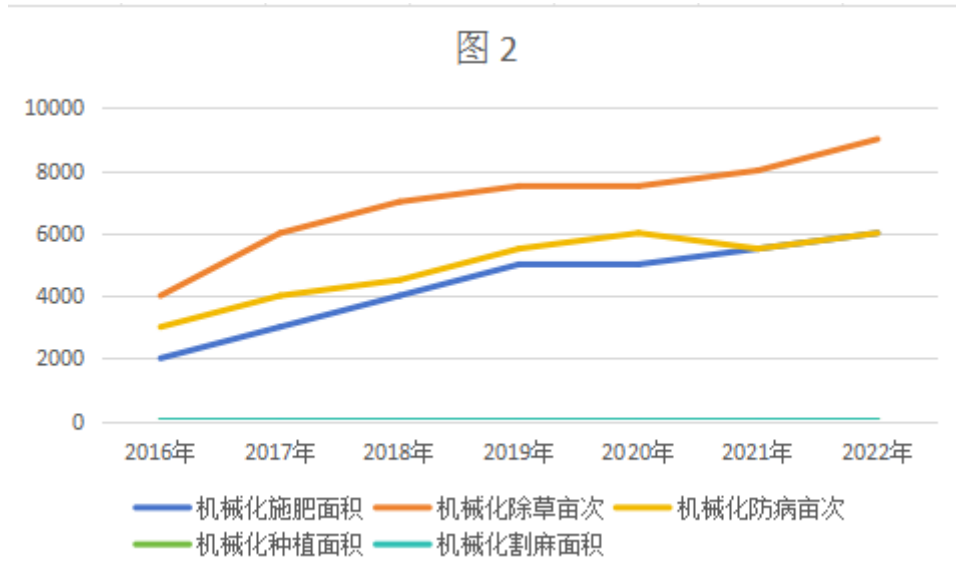


图 2：火炬农场 2016-2022 年剑麻机械化管理情况
Table 2 Torch Farm 2016-2022 Sisal mechanization management

1.4 经营管理模式

近几年，我司继续突出按绩分配，强化管理，明确责任目标的管理模式，采取“定费用、定产量，超产部分提取奖励”的管理模式，加强田间管理，不断巩固和优化剑麻，提升质量和产量。为了强化剑麻的生产管理，设立剑麻管理办公室，专门负责公司剑麻育苗、种、管、收。剑麻办设负责人 1 名、管理员 1 名，负责对公司所有剑麻叶片收割计划任务的分配及日常管理、技术措施的督促落实，并定期向领导小组、工作验收组汇报生产执行情况。作业区、组负责具体实施剑麻备耕、剑麻育苗、种植、田管、割叶等工作。

2 剑麻产业发展制约因素

2.1 病虫害危害

剑麻的斑马纹病、茎腐病、紫色尖端卷叶病等是致命病害，也是制约剑麻产业发展的重要因素。以致造成适龄麻田早期缺株，影响麻园高产稳产。

2.2 机械化生产程度不高

剑麻产业属劳动密集型产业，剑麻从种植到收获都需要大量的劳动力。目前农场种植剑麻只有少量工作实现机械化，在种麻、收获叶片等重要环节还是不能实现机械化。

2.3 剑麻投资收益周期长

剑麻为多年生作物，生长周期一般为 12 年，种植后第三年才能有叶片收割，种植后第五年才开始产生效益，投资收益周期长，造成职工种植剑麻积极性不高。

2.4 经营管理体制还不够完善

虽然经过前几年剑麻管理体制的不断改革，剑麻叶片产量有所提升。但大部分管理制度还保存以往的思维 and 传统习惯，干部职工管理剑麻的责任心和积极性还不强。

3 剑麻产业发展对策

针对火炬农场剑麻产业发展现状，为持续提高剑麻产业经济效益，实现扭亏增盈，就剑麻产业发展做如下对策探讨：

3.1 加强剑麻种植技术研究，积极引进或培育优良剑麻品种。如繁育种植 H11648（东 1 号）健康

抗病种苗。

3.2 从传统农业向现代化农业转变，剑麻种植管理现代化，创新经营管理模式，提高机械化生产程度。

如利用无人机对剑麻病虫害的防治，经调查发现：采用人工喷雾防治作业成本 25 元/亩，小型农机搭载式喷雾器的作业成本为 20 元/亩（含铺助工），采用无人机防治作业成本为 10 元/亩（含铺助工），应用无人机喷洒农药不仅具有很大的经济价值，还具有社会价值。无人机作业不仅有超高的工作效率、安全，同时能够大量节省劳动力，节约剑麻管理投入成本，最终增加经济效益。按照火炬农场现有的剑麻面积算，如果一年防治病害两次，可节约作业成本 18 万余元。综上所述，火炬农场应用植保无人机有助于火炬农场剑麻机械化水平更上一层楼，更是推进火炬农场实现农业现代化的重要举措。推广植保无人机也是火炬农场紧密围绕垦区建设国家现代化农业示范区、加快实现“两个率先”的战略目标，实现植保机械技术创新的一次重要实践。中央政策对发展农用航空的支持与鼓励，因此，在火炬农场应用植保无人机不仅有必要，而且是可行的。

3.3 注重平衡施肥，实施测土配方施肥，土壤缺什么元素补什么元素，避免肥料的浪费。如 2022 年火炬农场通过采取剑麻园地土壤到湛江研究所化验，发现该土壤中含速效磷元素偏多，从而减施磷肥，增加其他肥料的投入。在同等肥料投入成本情况下，经调查发现实施测土配方施肥的剑麻叶片比传统施肥方式的剑麻叶片每株增加 5 片麻叶。

3.4 进一步加强病虫害防控，建立病虫害预防监测体系，做到及时发现、及时防治。

3.5 继续完善经营管理体制改革，进一步完善考核管理制度。制定调动剑麻种植管理积极性方案，使产业科学合理分配利益，增加激励政策，引导产业健康发展。如通过下放管理权限，采取所有国营剑麻除草灭荒服务工作，承包给下属作业区、组干部进行管理，承包期限 3 年。作业区、组负责按照农场有关剑麻管理要求和签订的合同约定条款，进行除草灭荒管理工作（包括除草药购买、劳动力及时间安排等）。农场相关部门人员一个季度验收一次，经验收合格后，支付相应的服务报酬，其中第一年度支付服务报酬标准为 140 元/年·亩，第二年度标准为 110 元/年·亩，第三年度标准为 100 元/年·亩，期间，机关相关职能部门不定时抽查，检查管理情况，发现有违反合同条款行为的，严格按照合同条款进行处罚。这样即充分调动了干部职工对剑麻管理的积极性，及时加强了剑麻的除草工作；又逐年减少剑麻管理投入成本。

3.6 探索新的盈利点、效益增长点。为了进一步提高剑麻产业的经济效益，实现扭亏增盈并持续增加收益，有必要研究剑麻产业新的经营管理模式、积极探索新的盈利点和效益增长点，充分挖掘剑麻产业发展的潜力。

3.6.1 间种其他作物 在不影响剑麻的正常生长情况下，结合农场实际，可利用剑麻的行间空地种植菠萝、大豆、花生和芝麻等矮生短期作物，以提高剑麻地的经济收益。

3.6.2 探索新的经营管理模式 如公有剑麻由农场投资种植后，承包给职工管理，明确剑麻的生物资产权属属于农场，农场每亩收取折旧费和土地使用费，收获的麻片扣除相关费用后，所有收益归职工。从而提高职工管理剑麻积极性与管理水平，达到农场与职工共赢，即农场有收益，职工有效益。

参考文献

- [1]方佳,张慧坚.国内外热带作物产业发展分析[M]北京:中国农业科学技术出版社,2010.7.4
- [2]邱小强,邓远宝,常侧侧.建立我国热带作物产业改革体系的思考[J].农业科技管理,2011(1): 75-78
- [3]邓磊,杜爽.我国供给侧结构性改革:新动力与新挑战价格理论与实践,2015(12): 18-20
- [4]陈仕伟,陈栋宇.我国剑麻产业发展现状及展望, 2016

湛江农垦品牌现状分析与建设思考

黄卓江 欧阳帅 黄香武 罗丽娟

(广东省湛江农垦集团有限公司, 广东湛江 524022)

摘要 本研究通过国家知识产权局商标局中国商标网商标检索平台整理了广东省湛江农垦集团已成功注册的商标,并结合湛江农垦集团已获得的品牌相关荣誉,研究了广东省湛江农垦集团的商标数量、商标历史、特色产业和品牌建设情况。研究表明:湛江农垦集团产业多元,商标数量多,品牌历史久远,现拥有商标的单位共12个,处于专用权期限内的商标名称共43个,商标数目共96个,涵盖30个国际分类,涉及92类商品服务。现存商标中,最早申请注册的商标可追溯到1982年。但在商标和产品建设仍有较大上升空间,销售与宣传力度有待提升。

关键词 商标;品牌;特色产业

中图分类号 S01

文献标识码 A

Analysis of the current situation of the brand of Zhanjiang Nongken Group and the construction of thinking

Huang Zhuojiang

1 Guangdong Zhanjiang Agricultural Group Co., Ltd., Zhanjiang, Guangdong 524002

Abstract This study compiles the trademarks that have been successfully registered by Zhanjiang Nongken Group of Guangdong Province through the trademark search platform of China Trademark Network of the Trademark Office of the State Intellectual Property Office, and combines with the brand-related honors that have been obtained by Zhanjiang Nongken Group, to study the number of trademarks, the history of trademarks, the featured industries and the brand construction of Zhanjiang Nongken Group of Guangdong Province. The results of the study show that Zhanjiang Nongken Group has diversified industries, a large number of trademarks and a long history of branding, with a total of 12 units owning trademarks, 43 trademark names within the term of exclusive rights, and a total of 96 trademarks covering 30 international classifications and 92 categories of goods and services. Among the existing trademarks, the earliest application for registration dates back to 1982. However, there is still much room for upward movement in the construction of trademarks and products, and the sales and publicity efforts need to be improved.

Key words Trademarks; Brands; Specialty Industries

湛江农垦集团有限公司在雷州半岛广袤辽阔的红土地上,逐步建立了蔗糖、剑麻、水果、橡胶、林业、茶叶等生产基地。产品品种丰富、种植农产品历史悠久,有可规模化的土地、可控制的标准化种植管理,专业的技术化人才队伍。使产品质量和供给可以得到有力保障,具备了产业化、品牌化发展的优越条件^[1]。

作者简介 黄卓江,男,硕士研究生,专业:资源利用与植物保护;通讯作者(Corresponding author):欧阳帅, E-mail: zjnkj07@126.com_。

根据农业农村部《农业生产“三品一标”提升行动实施方案》和广东农垦“1339”工作部署的要求，深度挖掘垦区品牌的核心价值与文化内涵，以提升垦区整体品牌价值形象为引领，以发挥垦区特色品牌资源优势为依托，以完善垦区优质品牌产品质量为保障^[2]，以构建垦区多元品牌营销体系为载体^[3]，建立层级递进的品牌培育、推广和强化机制^[4]，着力打造彰显农业国家队地位作用的一流品牌。现将湛江农垦品牌情况梳理分析，以期对农业农产品的品牌工作开展提供可行性建议，以促进特色产业发展，实现乡村振兴。

1 品牌现状

1.1 总体情况

根据中国商标网 2022 年 12 月数据整理，湛江农垦集团现拥有商标的单位共 12 个，处于专用权期限内的商标名称共 43 个（其中包含 2 个图形商标），商标数目共 96 个，涵盖 30 个国际分类，涉及 92 类商品服务。

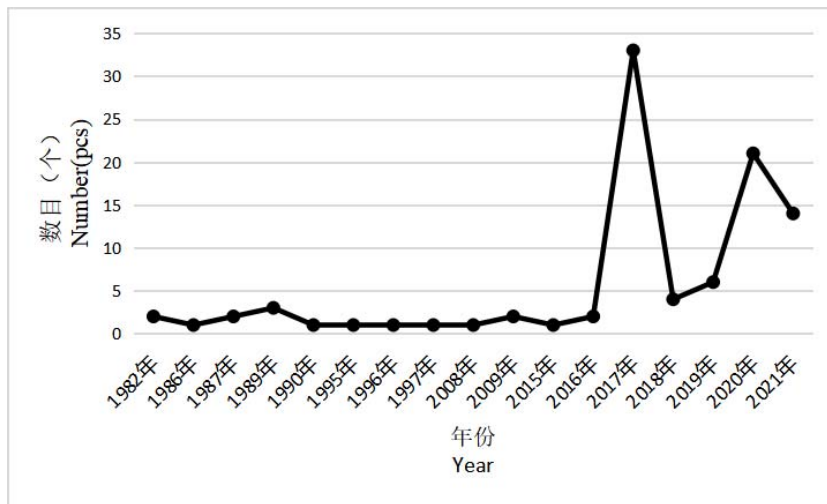


图 1 不同年份各类商标申请注册数目

Fig 1 Number of applications for registration of various types of trademarks in different years

现存商标中，最早申请注册的商标可追溯到 1982 年，最新申请或续存年份为 2021 年。最活跃的商标申请注册行为年份是 2017 年，申请数量达 33 个；其次是 2020 年，数量达 22 个。

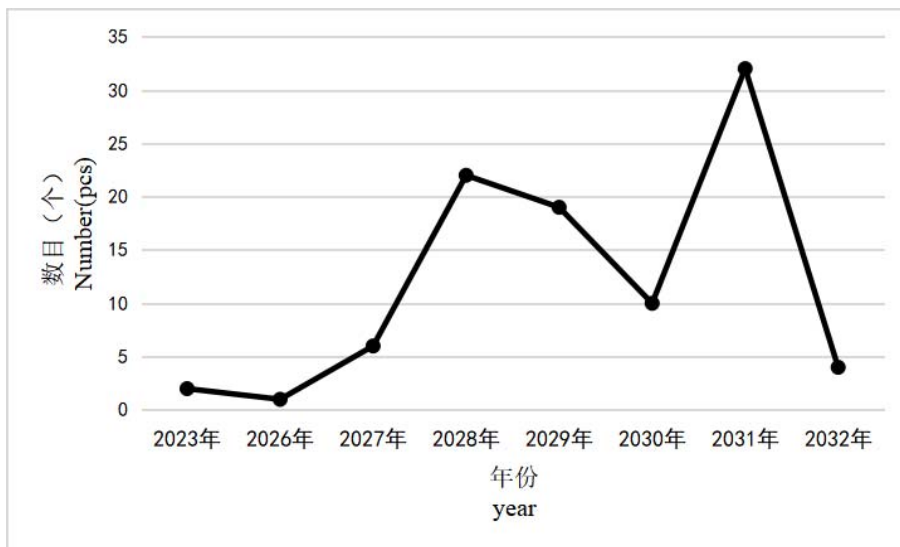


图 2 现有商标将到期年份数目

Fig 2 Number of years in which existing trademarks will expire

商标专用权期限到期最近的年份是 2023 年，最迟的年份是 2032 年。其中商标到期最多的年份是 2031 年，数量达 32 个；其次是 2028 年，数量达 22 个。

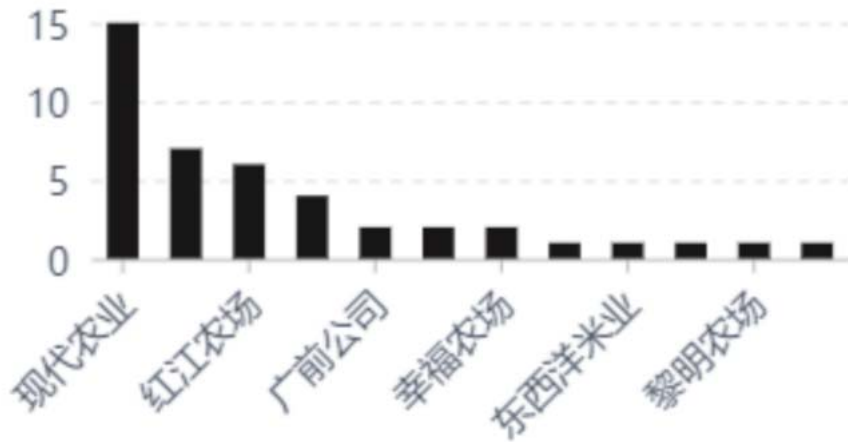


图 3 湛江农垦集团各单位商标名称数量

Fig 3 Number of trademark names of each unit of Zhanjiang Nongken Group

现有商标最多的单位是现代农业公司，共 15 个；其次是湖光农场，共 7 个。

下面分别对各单位品牌情况进行具体分析。

1.2 各单位品牌情况分析

1.2.1 现代农业

现代农业公司及其下属子单位（茶叶公司、收获罐头公司）现有商标名称 15 个，分别是：湛垦佳农、湛肯佳农、勇士、广垦雄鸥、雄鸥、雄鸥（图形）、田洋红、南端凤梨、南端、凤梨妹纸、凤梨妹、GLORY STAR、FIVESTAR、E-FA、获龙。

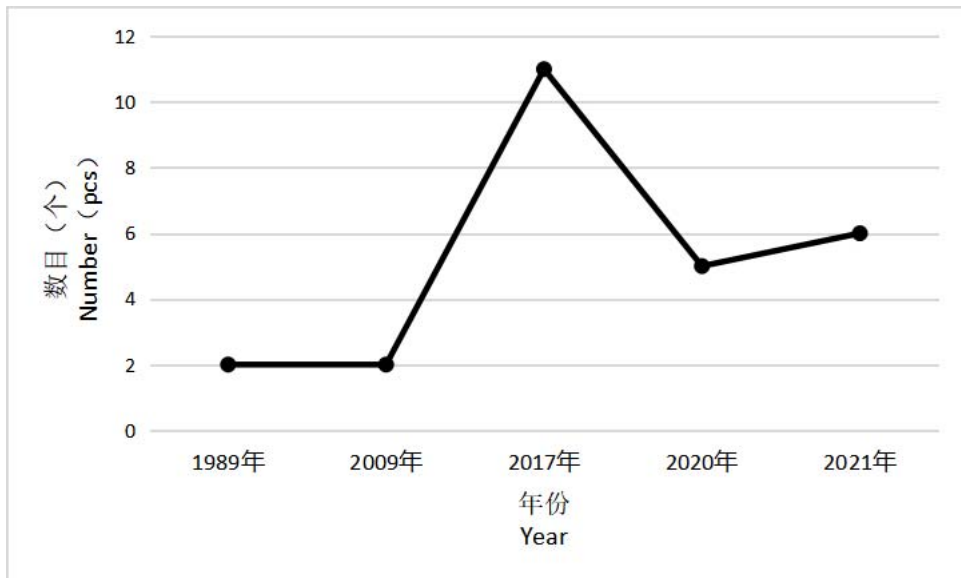


图 4 现代农业公司现有商标不同年份申请注册数目

Fig 4 Number of registrations applied for in different years for existing trademarks of modern agricultural companies

目前在用注册商标主要有 5 个，包括：湛垦佳农、勇士、广垦雄鸥、雄鸥、雄鸥（图形）。“湛垦

佳农”作为湛江垦区的公共品牌,2017年开始申请注册,以服务垦区各生产企业为宗旨,推动垦区水果、菠萝罐头、茶叶、剑麻制品等产品的销售推介以及各产品子品牌的宣传推广工作。“勇士”和“雄鸥”(含广垦雄鸥、雄鸥图形)是湛江垦区的主打茶叶品牌,最早申请注册时间可追溯到1989年。“雄鸥”分别于2009年和2017对商标的商品服务内容进行注册扩充,由原来的茶叶扩充至茶饮料、花茶、紧压茶和袋泡茶等,扩大品牌的商品应用范围。多年来,“雄鸥”茶叶获得“中国名牌农产品”、“广东省名牌产品”、“广东省名特优新产品”、“广东名茶”等荣誉称号,“三叶牌”菠萝罐头产品曾荣获“中国名牌”、“国家免检”、“中国名牌农产品”和“广东省名牌”等荣誉称号,品牌建设效果较为显著。

1.2.2 湖光农场

湖光农场现有商标名称7个,分别是:志满红、柳秀湖、志满香、湖光金银山、湛湖、湖光、湖广奶。

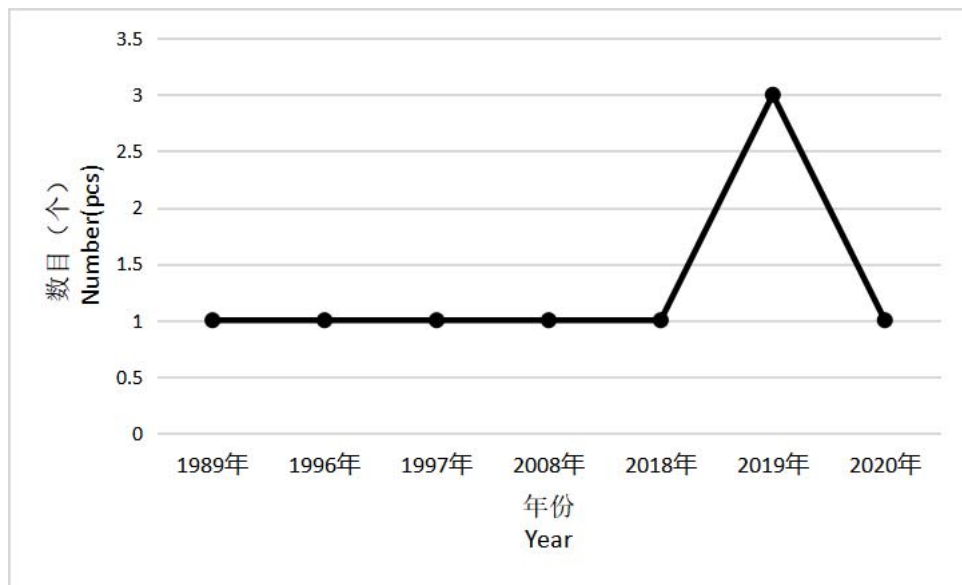


图5 湖光农场现有商标不同年份申请注册数目

Fig 5 Number of applications for registration of existing trademarks of Huguang Farm in different years

志满红、柳秀湖、志满香、湖光金银山是湖光农场2018至2019年所申请注册商标。“志满红”“柳秀湖”“志满香”商标服务范围主要是果蔬、活禽动物、水产等。“湖光金银山”商品服务范围是空中运输,货物贮存,仓库出租,观光旅游运输服务和旅行预订等。“湛湖”“湖光”“湖广奶”商标主要商品服务范围是牛奶、牛奶制品、牛奶饮料等,但相关产品现已停产。其中,“湛湖”商标的申请时间最早可追溯到1989年,历史较为悠久。

1.2.3 红江农场

红江农场现有商标名称6个,分别是:红江、红江V、红江橙、红江农场、正宗红江橙、红江橙庄园。

红江农场主营产品是红江橙,所有品牌相关工作围绕红江橙开展。“红江”商标申请最早可追溯到1986年,商品服务内容是鲜水果,即主要是红江橙。“红江”商标于2017年对商品服务内容进行注册扩充,涉及类别多达15种,涵盖与红江橙相关或不相关的不同范围,如保险、餐厅、教学、面条、奶粉、游戏机等,筑起坚实的商标使用保护“长城”[5]。此外,2017年起,开始申请注册“红江V”、“红江橙”、“红江农场”、“正宗红江橙”和“红江橙庄园”等商标名称,涉及宣传、农艺植保、餐饮、观光等商品服务,拉起一道商标保护链。多年以来,红江牌红江橙荣获“中国名牌农产品”、“广东省名牌产品”、“广东省名特优新产品”、“全国名特优新产品”、“全国特质农产品”、“绿色食品A级产品”、“熊猫指南(精选)中国优质农产品”和“生态原产地保护产品”等荣誉称号,品牌提升工作持续开展,

品牌建设效果明显[6]。

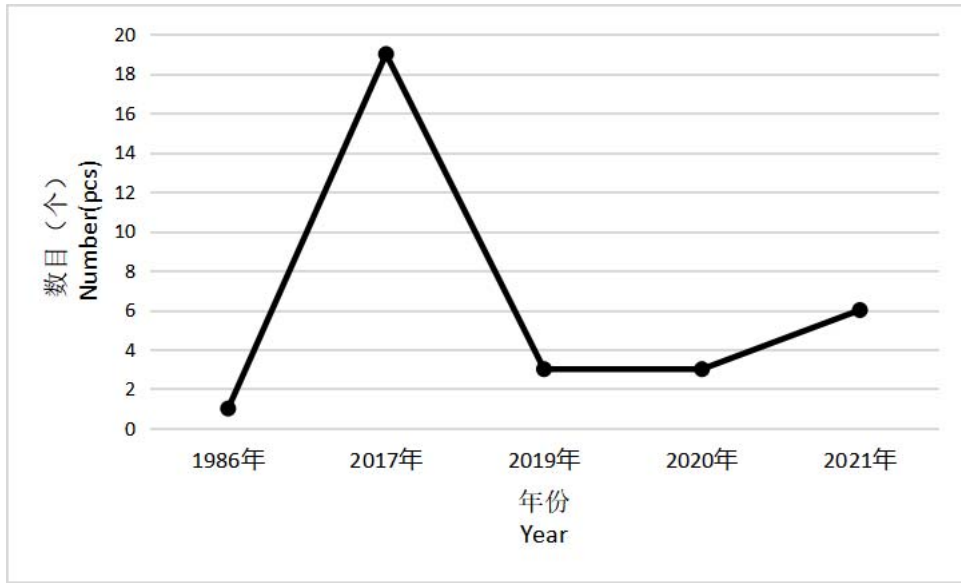


图 6 红江农场现有商标不同年份申请注册数目

Fig 6 Number of applications for registration of existing trademarks of Hong Jiang Farm in different years

1.2.4 剑麻集团

东方剑麻集团现有商标名称 4 个，分别是：太阳、太阳 SUN、东成、太阳牌 SUN。

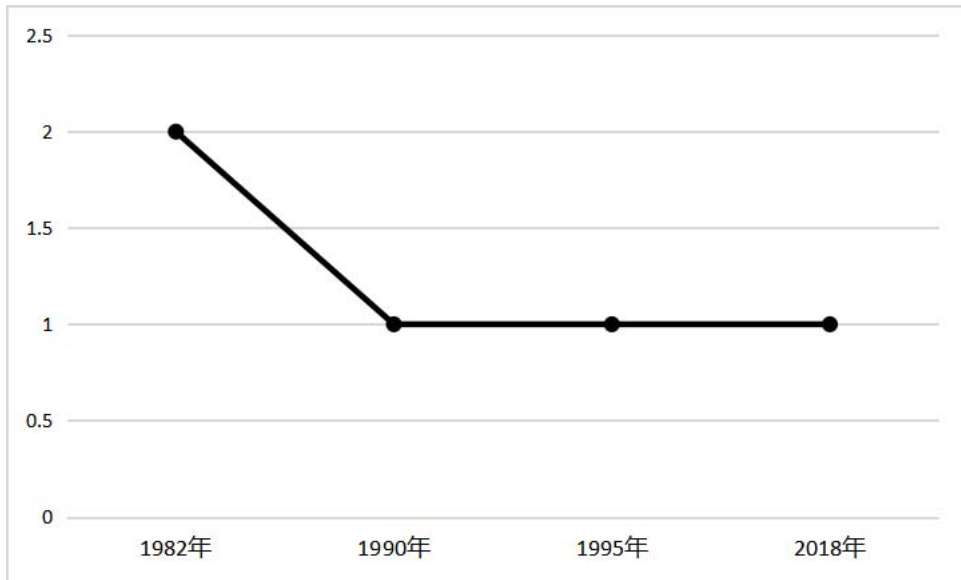


图 7 剑麻集团现有商标不同年份申请注册数目

Fig 7 Number of applications for registration of existing trademarks of the Sisal Group in different years

剑麻集团的剑麻纤维产品曾获得国家地理标志保护产品，现有品牌主要分为太阳牌（太阳、太阳 SUN、太阳牌 SUN）和东成牌（东成）。太阳牌商品服务主要包括白棕绳缆、剑麻纤维、剑麻纱、地毯、方块地毯、嵌入式地毯等。“太阳”商标最早申请注册时间可追溯到 1982 年。东成牌商品服务主要包括布、麻布、麻纤维织物、轻薄织物、麻绒，申请注册时间最早可追溯到 1995 年。剑麻纤维、纱、布和地毯等曾获广东省名牌产品证书，“太阳牌”获广东省著名商标。

1.2.5 广前公司

广前糖业发展有限公司（简称“广前公司”）现有商标名称 2 个，分别是：火福娃、仙伦优果，商品服务内容主要是新鲜果蔬、果汁饮料等。广前公司 2020 年开始申请注册火福娃和仙伦优果商标，开始标准化基地生产水果的品牌化探索之路。广前的名特优新水果种类繁多，如百香果、释迦果、火龙果等，为品牌建设提供多样高质量产品。2023 年广前公司火龙果获全国名特优新农产品证书，百香果和番石榴获全国特质农产品证书。

1.2.6 红星农场

红星农场现有商标名称 2 个，分别是：红土金菠、红土金菠（图形）。

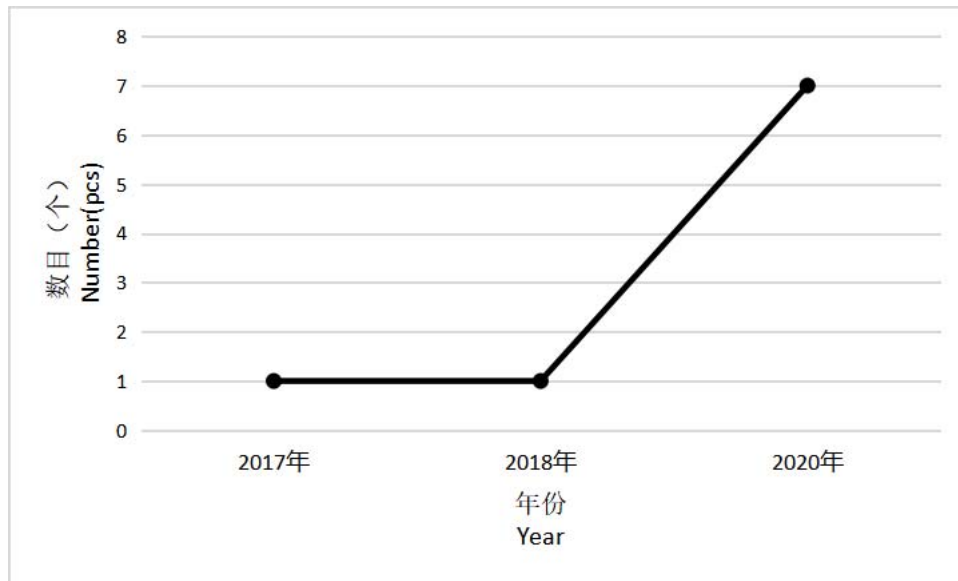


图 8 红星农场现有商标不同年份申请注册数目

Fig 8 Number of applications for registration of existing trademarks of Red Star Farm in different years

红星农场主营产品是菠萝（凤梨），所有品牌相关工作围绕凤梨开展。“红土金菠”商标最早申请注册时间是 2017 年，而后 2018 年至 2020 年进行图形注册和商品服务内容扩充注册。近年来，红星农场“红土金菠”菠萝获全国名特优新农产品证书及通过粤港澳大湾区菜篮子基地和出口日本等国水果基地认证，菠萝鲜果质量不断提升，通过媒体宣传曝光、参加农博会等渠道等，品牌建设初有成效，结合产品的品质把控，为菠萝（凤梨）鲜果带来较好的商品定价。

1.2.7 幸福农场

幸福农场现有商标名称 2 个，分别是：福绿香、幸福绿香。幸福农场 2017 年开始申请注册“福绿香”和“幸福绿香”，商品服务范围主要是蔬菜、鲜果活家禽等。幸福农场作为湛江垦区较大的蔬菜种植农场单位，蔬菜品牌化建设正处于探索阶段。

1.2.8 碧丽华公司

湛江碧丽华模压木制品有限公司（简称“碧丽华公司”）现有商标名称 1 个，主要是“碧丽华”。“碧丽华”商标最早申请注册时间是 1987 年，商品服务范围主要是家具、门、窗和建筑附件等。“碧丽华”品牌经过时间沉淀，目前，已形成模压餐桌，模压课桌椅，模压卡板，模压板材，模压素板，模压家具配件以及配套钢架七个系列 80 多种规格的“碧丽华”牌产品，畅销全国各省市，并出口美国、欧洲、非洲，东南亚等地区。尤其，经过 30 多年的产品的推广和销售，“碧丽华”家具产品曾获“广东省名牌产品”，在全省区域已有一定的品牌影响力。

1.2.9 其他

东西洋米业公司现有商标“广垦米业”，2015 年开始申请注册，商品服务范围主要是谷类和谷粉制食

品等。

红湖农场现有商标“鹤地红湖”，2016年开始申请注册，商品服务范围主要是鲜果蔬菜等。

黎明农场现有商标“粤垦荔”，2020年开始申请注册，商品服务范围主要是鲜果蔬菜等，但主打产品主要是荔枝。

长山农场现有商标“长悦茶”，2018年开始申请注册，商品服务范围主要是茶饮等，主打产品其实是茶叶。

2 存在问题

2.1 商标与产品方面

根据商标梳理，湛江农垦品牌现状面临2个问题，主要是：有“品”无“牌”、有“牌”无“品”。有“品”无“牌”即是有产品，但是品牌不显、不知名。比如垦区的大小宗水果、蔬菜等，产品销售大多走大宗货或批发市场，没有以特定品牌彰显产品，没有充分发挥品牌效应。有“牌”无“品”即有商标，但没有对应产品或产品上市周期短。比如“湖光奶”是垦区较为知名的老品牌，现在品牌留存，但产品已经停产。又或者品牌效应做得较好的红江牌红江橙和红土金菠牌菠萝（凤梨），有一定的品牌知名度，但产品上市周期短，集中在春冬季节，非上市季节品牌热度会降温。

2.2 销售渠道方面

湛江垦区销售市场多为自然形成，销售渠道比较局限、传统。销售形式绝大多数情况处于批发、零售交易状态或者仅在原产地流通，产品价值没有充分挖掘，品牌传播途径单一、空间狭小。

2.3 品牌宣传工作方面

品牌宣传投入不足。每年会携带产品参加一些展销会进行宣传，以及垦区内、当地报刊和少部分广告牌投入，但在疫情期间参展次数减少，品牌曝光次数减少。借助现代网络宣传较少、项目建设预算上基本没有产品宣传投入这一项[7]。另外，针对目标人群的定向广告投入少。

3 发展建议

3.1 重视品牌宣传工作，加大品牌宣传投入

打造农垦品牌与其他品牌的差异化，首先“曝光”尤为重要，即是宣传工作。可以创建湛江品牌宣传团队或对外与宣传团队合作。比如湛江农垦菠萝运营中心与阿里巴巴团队合作，在品牌设计与宣传方面形成一套标准化流程，通过淘宝平台的宣传转化，完成线上交易订单3.8万单。品牌宣传是一项长期工作，通过专业团队运营，可以保持垦区产品品牌全年出现在大众视野，保持存在感[8]。

3.2 夯实根基，践行价值

品牌建设的关键在于打造价值感，这涉及民生价值和社会价值等方面[9]。品牌不仅是盈利的工具，更是消费者心智和体验的集合，对于实现百姓美好生活具有重要意义，这是民生价值。同时，品牌还承担着社会责任和可持续发展责任，这是社会价值。一个强大的品牌需要在这两个价值方面实现全面领先。在产品开发和宣传推广中，湛江农垦集团应该向大众传递并强调农垦的民生价值和社会价值，这也是农垦品牌价值的深厚基础。

3.3 积极扩圈，打造生态

湛江农垦产品品牌涉及多种品类，包括水果、茶叶、模压家具等。该品牌在发展过程中，既注重大众化市场，又致力于高端化领域。一方面，品牌致力于生产让大众消费得起的优质产品，如四季可消费的优质水果和两款主打日常口粮茶的袋装产品，既保证了品质又不失人间烟火气^[10]。另一方面，品牌还深耕高端化领域，抓住新生的细分需求和赛道，如红江牌红江橙、红土金菠牌金钻凤梨、名特优新类水果等产品适合走高端路线。对于这些产品，品牌会选取品相最优的产品，结合高级包装设计与宣传，面向喜欢优质高级产品的消费群体。因此，湛江农垦产品品牌的发展策略应充分考虑多种因

素,既满足了大众市场需求,又拓展了高端市场领域,才能具有较强的市场竞争力。

3.4 区域品牌构建

中国地域辽阔,每个省份都相当于欧洲一个国家,因此每个省份都有独特的文化和特色,值得我们去深入挖掘和精耕细作。湛江农垦产品品牌可以依托广东农垦母品牌的建设,进入广东省消费大众的视野。同时,湛江农垦作为粤西的本土品牌,仍有很多可以精耕细作的空间,比如通过提升产品质量、加强品牌营销等方式^[11],进一步扩大品牌影响力,满足更多消费者的需求。

参考文献

- [1] 王小钰.质量标准化与品牌建设问题的若干思考[J].轻工标准与质量,2023(03):133-135.DOI:10.19541/j.cnki.issn1004-4108.2023.03.030.
- [2] 蔡萍萍.绿色发展理念与地理标志农产品品牌建设的融合性发展路径研究[J].山西农经,2022(22):86-90.DOI:10.16675/j.cnki.cn14-1065/f.2022.22.025.
- [3] 徐晓丽.互联网时代农产品品牌建设优化策略分析[J].现代农村科技,2023(05):6-7.
- [4] 刘润涛.已注册驰名商标“按需认定”原则再审视[J].中华商标,2023(02):28-31.
- [5] 王晨希,刘子厚,龙芳芳.品牌文化建设中商标的运用——以商标的功能为视角[J].河南科技,2023,42(07):141-144.DOI:10.19968/j.cnki.hnkj.1003-5168.2023.07.029.
- [6] 徐承斌,贾永全.大庆市农产品品牌建设的策略[J].黑龙江八一农垦大学学报,2022,34(05):117-120.
- [7] 林霜.“网红效应+农产品节+规模种植”促进广西特色农产品品牌建设研究[J].商场现代化,2023(06):7-9.DOI:10.14013/j.cnki.scxdh.2023.06.006.
- [8] 杨忠酬.互联网场景中商标使用的认定[J].电子知识产权,2023(03):4-13
- [9] 董易难,潘秀文.现有驰名商标认定模式下企业驰名商标发展路径探究[J].河北企业,2023(03):38-40.DOI:10.19885/j.cnki.hbqy.2023.03.044.
- [10] 孔韬.乡村振兴战略视野下徐闻海洋茶农产品品牌建设策略[J].现代营销(下旬刊),2022(10):146-148.DOI:10.19921/j.cnki.1009-2994.2022-10-0146-049.
- [11] 赵玉娟.乡村振兴背景下农产品品牌建设分析[J].村委主任,2022(10):75-77.

湛江农垦橡胶产业现状及思考

程宏彪，欧阳帅，邓华，罗丽娟

(广东省湛江农垦集团有限公司，广东湛江 524022)

摘要：本文以湛江农垦近年来橡胶产业发展现状为基础，提炼了近年来橡胶工作的四点成效和四点主要经验，分析了存在的六个问题，提出了下一步发展的六点对策建议。

关键词 湛江农垦；橡胶；现状；思考

Present Situation and Consideration of Rubber Industry in Zhanjiang State Farms

Abstract This paper based on the development of rubber industry in Zhanjiang state farms in recent years, refined four achievements and four main experiences in rubber work in recent years, analyzed six problems, and six suggestions for further development are put forward.

Key words Zhanjiang state farms; rubber; thinking

湛江农垦是新中国成立后创建最早天然橡胶垦区之一，率先在北纬十七度以北大规模种植橡胶并获得成功，为探索独具中国特色的高纬度植胶技术和提供国家急需的战略物资—天然橡胶做出了重大贡献。如在品种选育上，《橡胶无性系 IAN873 引种利用的研究》项目，获农业部科技进步三等奖。在技术创新上，《乙烯灵刺激割胶技术在橡胶生产中的推广应用》项目，获全国农牧渔业丰收奖一等奖。在割胶制度改革上，《橡胶树高产高效低频新割制技术推广》项目，获农业部丰收计划奖二等奖。但在经济社会发展和本地气候灾害（主要是台风，寒害次之）的双重影响下，湛江农垦橡胶产业规模和产值也随之调整变化。干胶产量从 2013 年的 4207 吨，到近三年平均产量（2020-2022 年）1807 吨，为 2013 年 42.96%。总产值比重（橡胶产值/农牧渔业产值*100）由 2013 年的 2.0%，降至 2022 年的 0.43%。这其中，主要是受 2014 年超强台风“威马逊”的影响。贺军军^[1]等调查发现：该场台风使得雷州半岛橡胶开割树和中小苗受灾率 100%、开割树风害级别 4.16 级、断倒率 76.12%、风害指数 69.39，中小苗平均风害级别 3.09 级、断倒率 34.14%、风害指数 51.50。“威马逊”成为湛江垦区橡胶产业发展的转折点。同时，台风后，胶价长期低迷，橡胶种植环节普遍亏损，严重影响了橡胶农业生产环节的再投入，橡胶产业在逆境中发展。2019 年，湛江农垦完成了 9.49 万亩国家天然橡胶保护区的划定工作。自此，湛江农垦橡胶产业规模保持在 10 万亩左右，年均干胶产量约 2000 吨。本文主要以湛江农垦 2022 年橡胶生产数据为基础，描述了目前湛江农垦橡胶产业现状，提炼了近年来橡胶工作的成效和经验，分析了存在的问题，提出了下一步发展的策建议。

1 现状

1.1 总体情况

湛江农垦下辖 9 个橡胶农场，现有胶园面积 9.78 万亩，226.12 万株，亩均株数 23.11。其中开割树 7.63 万亩，总株数 178.54 万株，亩均株数 23.41；中小苗 2.16 万亩，47.69 万株，亩均株数 22.06。根据目前胶园分类调查数据（亩均有效株 22 株以上为 I 类；15 至 22 株为 II 类；15 株以下为 III 类），垦区 I 类胶园占比 36.95%，II 类胶园占比 22.43%，III 类胶园占比 40.62%。I、II 类胶园主要分布在廉江

市境内的长山农场，东升农场和黎明农场，占比 58.31%。雷州市、徐闻县境内的友好农场、南华农场、五一农场、幸福农场、火炬农场、金星农场的胶园主要是 III 类胶园为主，其一、二、三类胶园比例分别为 19.36%，19.65%和 60.99%。

表 1 湛江农垦 2022 年橡胶情况表

单位	总面积 (万亩)	总株数 (万株)	开割树面积 (万亩)	开割树株数 (万株)	中小苗面积 (万亩)	中小苗株数 (万株)	I 类胶园 占比 (%)	II 类胶园 占比 (%)	III 类胶园 占比 (%)
友好农场	0.62	13.78	0.59	13.24	0.03	0.53	0.00	31.84	68.16
南华农场	1.49	40.10	1.49	40.10	0.00	0.00	16.57	23.67	59.76
五一农场	0.97	23.56	0.85	20.45	0.13	3.11	20.52	23.75	55.73
幸福农场	0.95	15.89	0.85	13.31	0.10	2.58	17.58	15.54	66.88
火炬农场	2.03	45.44	1.44	33.02	0.59	12.41	24.49	11.80	63.71
金星农场	0.15	3.79	0.06	1.46	0.09	2.33	59.43	33.65	6.91
长山农场	1.57	38.76	0.63	21.24	0.94	17.52	100.00	0.00	0.00
东升农场	1.20	24.87	1.12	22.43	0.08	2.44	6.08	77.80	16.12
黎明农场	0.80	19.95	0.59	13.30	0.20	6.65	91.10	8.90	0.00
合计	9.78	226.12	7.63	178.54	2.16	47.58	36.95	22.43	40.62

1.2 开割情况

2022 年实际开割株数 104.87 万株，开割率 94.04%。除长山农场和东升农场继续采取收乳胶外，其它 7 个单位采取收杯胶形式。割制方面：四天一刀割制 11.79 万株、占比 11.24%，五天一刀割制 90.76 万株、占比 86.54%，六天一刀割制 2.32 万株，占比 2.21%。全年干胶产量 2164.93 吨，亩均产量 28.38 公斤，单株产量 2.06 公斤。割胶工人数 609 人，人均产胶 3.55 吨。

表 2 湛江农垦 2022 年橡胶开割树生产情况表

单位	株数 (万株)	有效开割株数 (万株)	实际开割株数 (万株)	实际开割率 (%)	四割制(万株)	五割制(万株)	六割制(万株)	干胶产量(吨)	单株产量(千克/株)	胶工数(人)	人均产量(吨/人)
友好农场	13.24	8.16	8.16	100.00	8.16	0.00	0.00	154.54	1.89	63	2.45
南华农场	40.10	20.34	20.34	100.00	0.00	20.34	0.00	621.13	3.05	135	4.60
五一农场	20.45	11.56	11.56	100.00	0.00	11.56	0.00	293.30	2.54	95	3.09
幸福农场	13.31	10.37	10.37	100.00	3.63	4.41	2.32	211.22	2.04	74	2.85
火炬农场	33.02	18.30	18.30	100.00	0.00	18.30	0.00	425.92	2.33	92	4.63
金星农场	1.46	0.59	0.59	100.00	0.00	0.59	0.00	18.81	3.20	5	3.76
长山农场	21.24	14.13	11.31	79.99	0.00	11.31	0.00	196.46	1.74	49	4.01
东升农场	22.43	14.77	13.25	89.73	0.00	13.25	0.00	141.18	1.07	46	3.07
黎明农场	13.30	13.30	11.00	82.71	0.00	11.00	0.00	102.35	0.93	50	2.05
合计	178.54	111.52	104.87	94.04	11.79	90.76	2.32	2164.93	2.06	609	3.55

1.3 林下经济

按照广东农垦十四五胶园林下经济发展目标，垦区结合胶园情况和本地实际，依托天然橡胶产业集群林下经济项目，探索并发展了林药、林麻、林果等多种模式的林下经济。目前林下经济规模达到

0.61 万亩，其中国有经营 0.56 万亩，包含以良姜、五指毛桃、益智等为主的南药达到 0.5 万亩。

2 工作成效

2.1 完成了橡胶产业发展顶层设计

2022 年，结合橡胶产业发展的国内外形式，政策导向，市场供需，立足湛江垦区实际，完成了橡胶产业发展规划（2022-2025 年），明确了今后一段时期橡胶产业发展方向。

2.2 干胶产量实现八年增

2022 年，垦区完成干胶 2164.93 吨，同比增加 186.43 吨，增幅 9.42%，在广东农垦下辖的五个管理局中，增量和增幅都居领先。同时也是 2014 年至今八年来，产量最好的一年。八年间（排除 2015 年和 2018 年两个未割年度），干胶产量保持连续增长态势，年均增长率 11.15%。

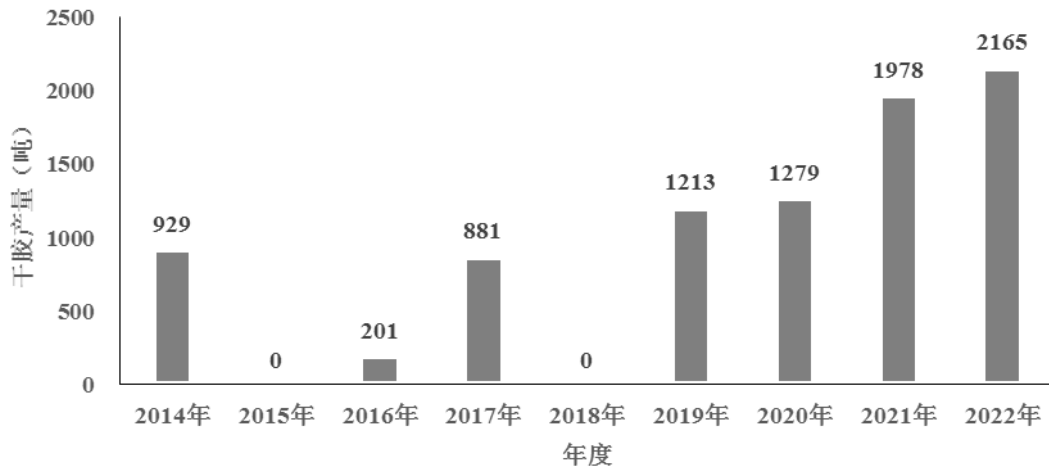


图 1 湛江农垦 2014 年至 2022 年干胶产量变化图

2.3 干胶质量对标管理有提升

垦区乳胶干含与茂名垦区同比，由 2021 年相差 1.5%，缩小到 2022 年相差 1.3%，差距缩小 0.2%。其中长山农场平均干含由 2021 年的 27.6%，增加到 2022 年的 28.2%，增加 0.6 个百分点，增幅 2.17%，是茂名加工厂十三个乳胶单位中，四个实现干含增长的单位之一，增幅居第三位。

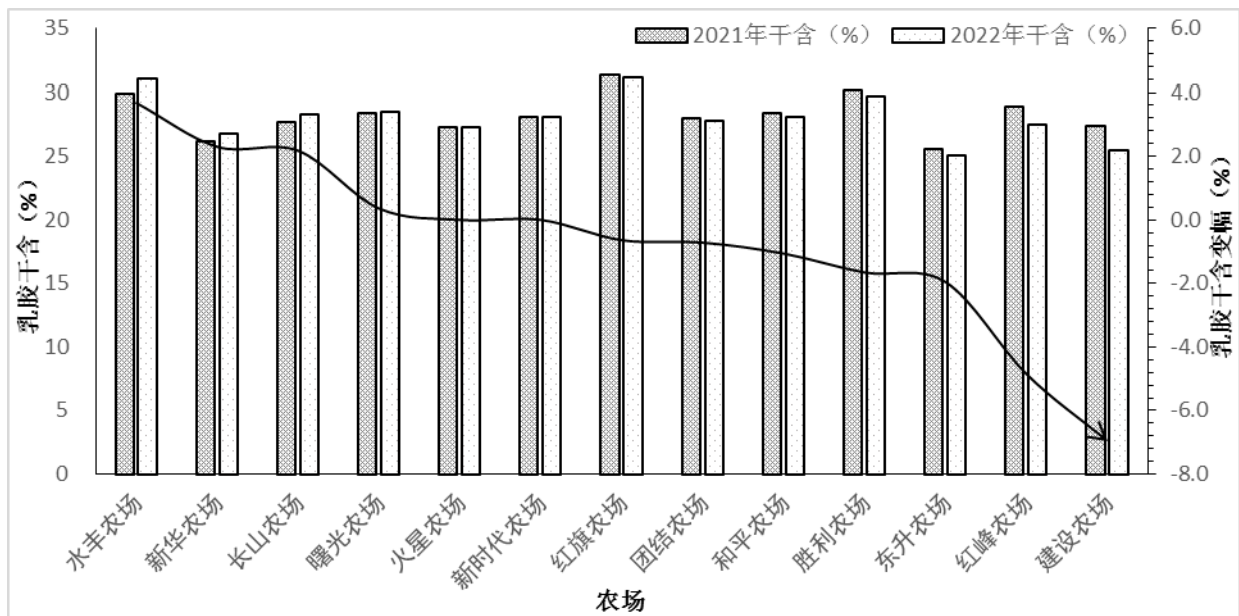


图 2 十三个收乳胶农场 2022 年干含变化情况

2.4 胶园基础面貌有改善

依托橡胶产业集群项目支撑,整合林业发展改革资金等项目,垦区累计投入 2598.98 万元,用于胶园“三保一护”、开割胶园提升、中小苗抚管和林下经济建设,累计完成“三保一护”3.3 万亩,开割胶园提升 5.76 万亩,中小苗抚管 2.86 万亩,林下经济建设 0.56 万亩。胶园保水保肥能力、胶园管理质量得到较大改善提升。

3 主要经验

3.1 保障生产投入

2022 年干胶产量能在开割期较 2021 年晚 10-15 天和开割后雨天多的不利影响下,较 2021 年同比增加 186.42 吨,原因之一就是生产投入有了保障。近年来,因为胶价长期持续低迷和效益考核导向,橡胶农场在胶园管理上投入较少,胶园因多年疏于管理和投入,杂草丛生,橡胶树营养补充不足,造成单株产量不高(不足 2kg/株),也影响割胶工收入。2022 年始,在橡胶产业集群项目的带动下,整合了林业发展改革资金等项目,累计投入 2598.98 万元,胶园面貌焕然一新。这也是 2014 年台风后,胶园投入最多的一年。橡胶树得到了营养补充,割胶工割胶也容易了,产量相应也得到提升。

3.2 抓好队伍建设

胶工队伍建设是近年来橡胶生产的重中之重工作。抓队伍建设主要在三方面:一是抓割胶工的招收。2022 年新招割胶工 95 人,其中严重缺胶工的长山农场、东升农场和黎明农场共新招 71 人。割胶工队伍的充实,使得产胶量得到提升。以上三个农场产胶量同比增加 77.19 吨,增幅 21.28%。二是抓辅导员队伍的补充。2022 年,友好农场和五一农场各补充了总辅导员 1 人,使得橡胶生产监管在一定程度上得到落实。三是抓队伍的培训。2022 年,投入资金 81 万元,对 230 名胶工和 70 名管理人员进行了开割前的技能培训,确保胶工割得好,管理人员管得到位。

3.3 重视制度建设

制度建设主要在两方面:一是开展橡胶生产劳动竞赛。开展割胶生产劳动竞赛,在产量、割技、管理三个主要方面对单位和胶工进行评比和奖励,投入 4.5 万元对 2021 年三个先进单位和 10 名先进个人进行了表彰。同时投入 4.1 万元举办了一场高水平的割胶技能大赛,形成了比学、赶、超的生产工作氛围。二是建立割胶等级和收入相挂钩的机制。各单位按照日常检查评比给胶工割技进行定等,等级分为一二三和等外四个级别,级别不同,干胶单价也不同。南华农场还采取灭荒与等级相挂钩的制度,促使胶工主动灭荒,否则,胶工等级直接定为等外。

3.4 抓好日常监管

监管是确保各项制度得以落实的关键。各农场每月由辅导员上山检查,给胶工割技进行评分定等。管理局也不定期开展抽查检查。通过监管,促使各单位管好胶,割好胶。

4 存在问题

4.1 胶价市场不好

自 2012 年以来,胶价就一直处于低位徘徊,且按照主流研究机构-国际橡胶研究组织(IRSG)2022 年 8 月预测,至 2030 年,全球天然橡胶将长期保持供大于需的态势。因而,胶价回升上涨的基本面缺乏支撑。市场不好,加之国内农业生产环节的劳动力成本、物资成本逐年上涨,在无其它支持政策的情况下,农业环节亏损是大概率事件。农业生产效益的不佳,进而影响橡胶正常的生产投入^[2]。

4.2 橡胶队伍不稳

主要是割胶工队伍和割胶监管的专业技术队伍,也就是辅导员队伍。割胶是技术活,也是十分辛苦的体力活,收入也不高。在这样的局面下,地处经济发达的广东,很难有年轻人意愿加入割胶队伍行列,即使是贵州、广西等西部地区,随着乡村振兴的深入,这些地方经济也逐渐好转,从事割胶的

人也会逐渐减少。割胶工短缺将会是常态^[2]。2022 年之所以相对容易地招收了一批胶工，主要还是三年疫情影响，很多工厂停产，使得原本在工厂打工的务工者，部分不得不转向割胶。随着疫情好转，社会秩序的恢复，招工将会越来越难。同时，在当前机构改革和成本效益考核驱使下，减员增效是共识，老的退休，新的无编制，这也使得辅导员队伍越来越薄弱。如某一农场 2 万亩橡胶，无总辅导员。按照割胶技术规程粤垦函〔2022〕534 号规定“每 10 名胶工配置 1 名辅导员，农场总部需另配置 1-2 名总辅导员”，能按规配置辅导员的单位不多。辅导员队伍的弱化，使得割胶监管、橡胶生产管理难以有效落实。

4.3 橡胶家底不清

橡胶面积、种植年度、品种、分布位置、总株数、有效株数等基础数据，目前还未有一个真实准确的数据。这其中，主要是由于橡胶市场不好导致企业对橡胶工作重视程度不够。

家底不清，生产决策就无科学依据。

4.4 生产效率不高

主要是两个方面：一是割胶工具的传统使得割胶效率很难提升，对割胶工的需求量大，进而使得生产成本中的劳力成本居高不下^[3]。二是胶园管理机械化率低，生产管理效率不高，进而使得胶园管理成本居高不下，这点主要是针对丘陵地形的橡胶农场。

4.5 成本管控不佳

主要是三个方面：一是投入品方面未能实行集中采购管理，分散采购成本高。按照一般投入，仅以 10 万亩胶和 NPK 三种大宗肥料的需要量来看，年均约为 3500 吨，成本约为 830 万元，若集采降低 5%，成本可节省 41.5 万元。二是超低频割制覆盖率不高，使得胶工数量大，劳力成本高。超低频割制是解决胶工短缺，增加胶工收入，减少农场胶工成本的有效措施^[4-5]。在茂名、阳江经多年实践，不仅增加了胶工收入，而且有效降低了农场成本。目前广东垦区新割制推广率已达到 77%以上，相应人均干胶产量达到 6.1 吨，其中茂名垦区 81%、人均产胶 6.3 吨；阳江垦区 100%，人均产胶 6.63 吨。垦区超低频割制覆盖率不到 5%，人均产胶不到 4 吨。三是财务管理和生产成本管理未统一规范，对标管理难操作。生产管理方面，直接生产成本有 16 项，而目前财务入账未能细化对应，造成实际生产成本与财务入账成本不统一，且结果都是财务成本低，未能反映生产实际。

4.6 割管分离不行

目前胶园管理方式是割胶与管理完全分开。胶工只负责割胶，通过胶水收入取得报酬；胶园日常的病虫害防治、胶园灭荒、施肥等物资投入及作业费都由农场组织并负担费用。这样使得胶树管不好，胶园管不到位，胶工收入增长不明显，农场投入回报率不高，生产成本居高不下。

5 对策建议

5.1 争取政策支持

天然橡胶是国家重要战略资源，关系到国民经济建设、现代工业和国防建设。由于橡胶价格长期低迷，加之缺乏政策支持，严重影响了我国橡胶产业的发展。要结合 2023 年中央 1 号文件提到“完善天然橡胶扶持政策”的有利契机，建议以三个橡胶主产区的农垦集团和中国天然橡胶协会为主，加强协作，尽快推动促成天然橡胶扶持政策的出台，从而抵御接下来胶价市场不景气的不良影响。

5.2 稳健胶工队伍

一是要将割胶工列入国家技能工种，并给与补贴。二是要千方百计增加胶工收入，可探索林下经济发展。三是继续强化割胶工职业技能培训。四是创新割胶方式的转变，减轻胶工劳动强度。五是继续招收年轻胶工及辅导员，建立胶工晋升渠道，增加吸引力，充实胶工队伍。

5.3 摸清搞准家底

要依托现代信息化手段，联合自然资源部门、农业农村部门，将胶园地籍信息，橡胶树信息整合，

形成胶园一张图管理体系。

5.4 提高生产效率

要加大政策和资金支持，加快轻简化割胶技术和工具的研发攻关，解决割胶效率低这一“卡脖子”问题。对于丘陵地形的胶园，要加大适宜丘陵地形生产管理机具的引进和试验示范推广，加快推动丘陵山区橡胶农场的机械化管理。

5.5 强化成本管控

一是在投入品环节，尽快组织并成立广东农垦大宗物资集中采购管理体系，实行产销直接对接，减少中间环节，降低投入品成本。二是加快推广超低频割制，通过超低频割制，解决胶工需求量大而带来的胶工人力成本高的问题。三是要统一规范生产管理成本财务制度，财务入账科目要与16项直接生产成本相对应。

5.6 完善割管机制

要吸收借鉴“两费自理”模式经验和广前公司香蕉基地管理模式，农场可负责投入品环节，对于尚不能机械化作业的区域或环节，要将胶园管理及割胶捆绑一起，由割胶工承担。割胶工只有管好胶，胶树才能多产胶，产胶多，胶工收入才高。

参考文献

- [1]贺军军,文尚华,罗 萍,等.台风“威马逊”对雷州半岛植胶区橡胶树的影响[J].广东农业科学,2015,042(024):80-85.
- [2]曾 霞,黄华孙.我国天然橡胶技术发展现状与展望[J].中国热带农业,2021(01):25-30.
- [3]王玲玲,郑 勇,黄 敞,等.4GXJ系列便携式电动割胶装备与技术应用[J].中国热带农业,2021(06):18-21+62.
- [4]杨文凤,校现周,吴 明,等.我国高效割胶新技术推广应用概况[J].中国热带农业,2021(06):5-10+58.
- [5]杨文凤,谢黎黎,郑 杰,等.广东茂名垦区超低频割胶技术试验示范概况及存在问题分析[J].中国热带农业,2020(01):7-11.

发展橡胶产业助力乡村振兴的有效举措

李国华

广东农垦黎明农场有限公司

摘要 乡村振兴战略是中国当前重要的发展方向之一，而特色产业的发展则是乡村振兴的重要抓手之一。橡胶是一种重要的工业原料，在汽车、轮胎、医疗器械等领域有广泛应用。中国作为橡胶消费大国，但橡胶产量相对较低，仍需大量进口。发展橡胶产业具有巨大潜力。基于此，本文以橡胶产业为例，并结合成功案例，探讨如何通过发展特色产业，助力乡村振兴，具体包括特色产业“立起来”、企业发展“稳起来”、数字技术“创起来”、乡村振兴“强起来”等多个方面。

关键词 橡胶产业；乡村振兴；有效举措

中图分类号 F121.3

文献标识码 A

近年来，乡村振兴战略成为中国经济发展的重要方向。党的二十大报告提出，全面推进乡村振兴，坚持农业农村优先发展，坚持城乡融合发展，畅通城乡要素流动。在这个过程中，发展橡胶产业被认为是一项有效的举措，能够为乡村振兴注入新的活力。橡胶作为一种重要的农产品，在农村地区具有广阔的发展前景和巨大的经济潜力。因此，通过特色产业的立起来，企业发展的稳起来，数字技术的创起来，一起来见证乡村振兴的强起来。在此，本文就如何通过发展橡胶工业，为农村地区提供新的希望和新的发展契机，提出了一些行之有效的措施。

1 特色产业“立起来”

二十大报告中强调，“发展乡村特色产业，拓宽农民增收致富渠道。”为了推动人民群众走上致富之路，地方政府应注重培养可持续发展能力的特色产业。在云南省西双版纳傣族自治州勐腊县，瑞祥橡胶木业有限责任公司已成为木材加工业的领军企业。该公司专注于加工橡胶木和进口木材，生产自然板、拼板、方料、木皮等产品。经过6年的发展，瑞祥橡胶木业年产值已达8600万元。仅在2022年，该公司收购了2536万吨橡胶木原材料，实现了2096万元的营业收入，同比增长10%。另一个重要企业是勐腊海发木材有限责任公司，成立之初便确定了高端橡胶木制品生产、生物质颗粒燃料加工以及环保机制木炭生产加工作为发展方向，这些产品在市场上具有广阔前景和巨大潜力，对勐腊县乡村特色产业的发展起到积极推动作用。此外，位于勐腊县勐捧镇勐哈村的兴华木器制品公司，由于地处中国橡木主产区，享有独特的地理优势。该公司主要从国有林场和私人林农手中收购原材料，并从事木材和木制品加工。目前，兴华木器制品公司拥有192名员工，固定资产达到5000万元，年生产总值约为2000万元。

由此可见，这些企业的发展不仅为农民提供了更多的就业机会，也为农村地区带来了新的经济增长点。通过发展乡村特色产业，可以拓宽农民的增收致富渠道，是农村经济发展的必然要求。同时，这些特色产业的兴盛也为当地经济注入了新的活力，推动了地方经济的发展。

2 企业发展“稳起来”

企业强，产业才能强。企业是社会经济发展的生力军，勐腊县加大政府政策支持，努力打造一批“稳得住”的优质企业，为经济发展贡献企业力量。勐腊县积极支持企业发展，通过政府政策支持和引导，打造了一批“稳得住”的优质企业。其中海发公司以诚信为本，以质量求生存，通过政府的大

力支持和自身努力，不断提升产品质量和服务水平，员工总人数已发展到 300 余人。兴华木器制品公司在产品质量上高标准、严要求，通过技术学习和工人培训，保持市场竞争力和良好的口碑。

为了稳定企业发展，勐腊县政府引导企业建立健全内部管理体系，拓宽融资渠道，推动技术创新和升级，提升市场竞争力。政府还提供金融支持，例如低息贷款和贴息政策，营造良好的融资环境。同时，政府组织企业参加展览会和商务洽谈会，加强培训和指导，提供政策咨询和法律援助服务，还引导企业加大科技创新投入，鼓励与高校、科研机构合作，设立专项资金支持企业的科技创新项目。另外，在企业发展过程中，勐腊县政府注重环境保护和可持续发展，鼓励企业采用清洁生产技术，减少环境影响，合理利用资源。政府还应通过强化环保监督、完善环保管理体系、强化环保法律、法规等措施，来保证企业的可持续发展。

通过政府的支持和企业的努力，勐腊县的企业发展“稳起来”，为当地经济发展注入了新的动力。这些优质企业的发展不但可以为当地的农民带来更多的工作岗位，而且还可以带动相关行业的发展，从而推动当地的经济发展。为此，勐腊县将继续加大对企业的支持力度，创建更多“稳得住”的优质企业，为经济发展和乡村振兴贡献更大的力量。

3 数字技术“创起来”

随着数字技术的发展，海垦宝橡林产集团利用高分子技术改造传统橡胶木材，为家具制作注入新的活力。他们生产了创新的改性橡胶木制品，从小到大有饰品、家具、木门、地板等，还制作了许多动物摆件，烟灰缸，笔筒等精美的橡木工艺品。同时，宝橡林产集团在 2020 年，瞄准海南自贸港的发展机遇，将推出节能环保、防火防潮、综合性能优良的木质结构产品，并将其作为“橡木”室外木结构工程的主要发展方向。另外，公司还将引进环保实木地板，防火木门，厨房用材等高附加值的产品，同时，也将打造更多的高档木质家具品牌。除此之外，宝橡林产集团不仅致力于推动橡胶木改性材料的创新与发展，还积极探索与数字技术的结合，通过引入先进的数字化制造技术和智能化管理系统，工厂实现了生产过程的精细化管理和资源的高效利用，不断提升产品的质量和生产效率。这些努力不仅使宝联公司加工厂在国内外市场上树立了良好的品牌形象，也为中国的木制家具行业注入了新的活力。

4 乡村振兴“强起来”

习近平总书记强调，“产业振兴是乡村振兴的重中之重，要坚持精准发力，立足特色资源，关注市场需求，发展优势产业，促进一二三产业融合发展，更多更好惠及农村农民。”要加快乡村振兴，关键是找准特色产业，发展壮大产业，瑞祥橡胶木业以企业劳动力密集型优势解决就业难题。目前，有 85 名职工就业在该企业。瑞祥橡胶木业联合勐满商会向社会募捐 2 万元，并捐助 1 万元帮助贫困学生继续上学。此外，该企业还赞助了坝腊篮球队参加农民运动会，并赞助了勐满农场七分场场部修路。海发公司帮助扶持贫困村寨和贫困户，项目建设完成后，可提供就业机会给 150 人，带动一二三产业就业 400 人，并促进周边 1400 多户农民橡胶种植业发展。每年，该公司还帮助周边村寨农户更新橡胶种植地超过 2000 亩，推动乡村振兴，提升当地群众幸福指数。兴华木器制品公司入驻前，当地经济主要依靠割胶业，每年只有大约 7 个月的割胶收入。自从该公司入驻后，培训了一批工人，现在这些工人每天收入可达 130-200 元。该公司雇佣了 190 多名农民工，计划今年达到 500 人。同时，推动了当地橡胶木材加工业的健康发展。

乡村振兴正在进行时，民族繁荣发展也在不断前进。近年来，勐腊县树立了“招商为要，项目为王”的理念，通过走出去和引进来相结合，因地制宜，培养和打造了一批优质的橡胶木材加工企业，这些企业让乡村振兴实现了“有产可依”，将乡村发展从“输血”转变为“造血”，为乡村振兴、国家富强注入了强劲的内在力量。

5 结束语

综上所述，在乡村振兴的征程中，橡胶产业作为一种特色产业，具有广阔的发展前景和巨大的经济潜力。为此，应该充分挖掘乡村地区的橡胶资源，发展橡胶种植、加工和销售产业链条，打造具有竞争力的橡胶品牌，通过培育特色产业，能够为乡村带来就业机会，提升农民收入，推动乡村经济的可持续发展。在以后橡胶产业发展过程中，要继续以特色产业为引领，以企业发展为支撑，以数字技术为创新驱动，全力推动乡村振兴的实施，共同开创乡村振兴的美好未来。

参考文献

- [1] 孙向前, 黎晟沅.云南天然橡胶产业高质量发展策略与思考[J].橡胶工业, 2023, 70(6): 474-479.
- [2] 王雪娇, 陈良正, 李隆伟, 等.促进云南省天然橡胶产业可持续发展的建议研究[J].江西农业学报, 2019, 31(7): 144-150.
- [3] 郑健雄.发展橡胶产业助力乡村振兴的有效举措[J].南方农业, 2021, 15(15): 146-147.

剑麻化肥农药减施增效生产技术应用报告

戚强¹ 黄香武² 赖荣光¹ 赵家流¹ 骆争明² 黄标¹ 文尚华²

1 广东农垦东方红农场有限公司, 广东雷州 524251

2 广东省湛江农垦集团有限公司, 广东湛江 524200

摘要 将抗性种苗上山、测土配方施肥、施用土壤改良剂、剑麻行间间作平托花生、病虫草害绿色防控等技术措施综合应用于剑麻农业生产, 取得了良好成效, 示范基地实现化肥和农药年使用量分别减少 65.14%和 49.06%, 剑麻年净增产 0.4 吨/亩, 形成了一套生产技术模式, 与此同时, 笔者分析了化肥农药减施增效生产技术在实际应用中存在的问题和不足, 提出了改进建议, 为下一步广东农垦制定剑麻产业发展政策提供理论依据。

关键词 剑麻; 技术模式; 减肥减药

广东农垦是我国最早开展剑麻规模化种植及加工的区域, 剑麻种植至今已有 60 多年历史, 广东农垦湛江垦区剑麻成功创建中国特色农产品优势区。截止 2022 年底, 垦区剑麻总面积达到 4.6 万亩。长期以来, 受雷州半岛常年干旱, 剑麻连作等影响, 加上近年来, 剑麻价格低迷, 部分职工为节约成本, 采取重施化肥、农药, 轻施有机肥等田间管理方式, 导致垦区土壤酸化较重、土壤肥力连年下降、病虫草害严重等问题频频发生。为进一步探讨剑麻田间管理良好, 抓好良种良法示范, 提高垦区干部职工科学种麻, 管麻认识, 2019 年起, 垦区在东方红农场开展“剑麻化肥农药减施增效技术”综合试验示范, 经过试验示范形成了一套成熟的生产技术模式, 并在生产上进行应用, 取得了良好成效。

1 生产技术模式

1.1 应用推广抗性种苗

通过从新菠萝灰粉蚧和紫色卷叶病危害严重剑麻园筛选出抗紫色卷叶病种苗并建立快繁体系, 在剑麻生产上进行规模化应用。该苗仅需在冬春干旱季节防治新菠萝灰粉蚧(紫色卷叶病的传播媒介)1~2 次, 年减少防治剑麻粉蚧的农药使用量达 70%以上, 攻克剑麻紫色卷叶病防治技术难关, 病害发生率降低至 5%以下, 对保障剑麻稳产及产业发展发挥着至关重要作用。

广东农垦累计繁育剑麻抗病种苗 1500 多万株, 推广种植 4 万多亩, 实现亩均净增产 0.4 吨以上, 增产幅度达 12.9%, 年均增收节支约 150 元/亩, 年均总增收节支近 700 万元。

1.2 推广测土配方施肥技术

采取测土配方技术成果成功研制剑麻专用生物配方颗粒肥(有机无机及添加有益微生物, 无机以测土配方为依据), 全面实施机械化施用, 取得显著效果。该肥保肥能力强, 肥料利用率高, 追施该专用配方肥 250 kg/亩, 与常规等价比较, 剑麻增产 6.63%以上, 降低作业成本 160 元/亩, 达到节本、精准、高效的目标; 该肥可培肥地力, 有利改良土壤生态环境, 尤其是实现机械边施肥边覆土后, 确保有益微生物不受阳光暴晒, 其繁衍不受影响, 充分发挥微生物固氮, 解磷、解钾功能, 满足植株生长所需的养分。该技术减少化肥使用量 25%以上, 保障植株体内养分平衡, 促进剑麻抗性、产量、质量及效益提高。

资助项目 国家重点研发计划-特色经济作物化肥农药减施技术集成研究与示范(No. 2018YFD0201110); 国家麻类产业技术体系湛江剑麻试验站项目(No. CARS-16-S13)。

作者简介 戚强(1965—), 男, 高级政工师。

1.3 施用土壤改良剂

针对垦区土壤酸性较强,石灰改土成本高(石灰施用时腐蚀人体皮肤较严重),易板结等实际情况,采用钙镁磷肥、钙镁硅肥等替代传统石灰施用,有效缓解土壤酸化程度,同时,补充剑麻植株较缺乏的钙、镁等中量元素,改良根际土壤生态环境。东方红农场4队油茶山北示范基地测产结果表明,亩施钙镁硅肥150kg的处理比对照处理(不施土壤改良剂)的年均增产28.24%,亩均年净增产1.4吨,亩均年增收280元。

1.4 剑麻行间间作平托花生

剑麻园大行套种平托花生(豆科绿肥),可保障生物多样性,培肥地力,改善土壤环境,缓解土壤酸化,极显著增加土壤微生物数量;地上部有利天敌大量繁衍,减轻病虫害危害;假花生覆盖大行达90%以上,减轻杂草危害达50%以上;假花生秆叶回田,年亩均增加绿肥1283kg(鲜重),养分折为尿素、过磷酸钙、氯化钾共计28.93kg,亩均减少化肥用量23.14%,促进麻园生态良性循环,实现减肥减药和产量提高目的。

1.5 病虫害绿色防控

科学调整作物布局,实行轮作制,适当种植经营多种作物,如剑麻、甘蔗或“三高”等,使生物多样性,改善生态环境,以免地力下降、病虫害危害严重;加强剑麻病虫害防治,侧重预防及降低抗性,筛选并推广高效低毒农药,并结合监测预警体系,使预警与防控有机结合,实现及时、准确、高效防治病虫害,减轻盲目防治造成的农药浪费或污染,实现总体防效达95%以上,年均减少农药用量0.6公斤/亩,减幅达25%以上,有利规模化及高效生产,减轻劳动强度,减少杂草为害,促进剑麻生长。如:低毒高效长效类药剂亩旺特(主要成分为螺虫乙酯)+毒死婢+助剂防治剑麻粉蚧;应用安全高效除草剂防控麻园杂草(高效氟吡甲禾灵等药剂防控麻园茅草、硬骨草及其他禾本科杂草,氯氟吡氧乙酸或氯氟吡氧乙酸异辛酯等药剂防控麻园阔叶杂草,氯吡嘧磺隆等药剂防控剑麻苗圃香附草)等。

1.6 应用轻简化栽培及抚管技术

推广机械起畦、麻园管理(机械深松、机械开沟施肥覆土一体化)、机械撒施石灰(包括钙镁磷肥、钙镁硅肥等)、机械喷药(防控剑麻粉蚧虫及化除杂草)、机械粉碎除草等轻简化栽培及抚管技术,进一步减轻劳动强度,实现规模化生产,大幅提高生产效率。

2 应用成效

2.1 减肥减药效果及经济效益

集成示范推广抗病种苗上山种植、行间(平托花生或经济作物)间种技术、专用生物有机肥(250Kg/亩)替代化肥施用技术、主要病虫害监测防控与综合防控技术、钙镁硅肥替代石灰施用技术等技术,化肥和农药年使用量分别减少65.14%和49.06%,实现剑麻年净增产0.4吨/亩,剑麻农业年均亩增收节支200元。

2.2 社会和生态效益

建立剑麻化肥农药减施增效技术体系,形成了湛江农垦剑麻化肥农药减施增效技术模式并推广应用。先后举办湛江垦区技术骨干培训8场次,培训4005人次,并通过中国热带作物学会、国家麻类产业技术体系和特色经作“双减”项目等平台,在广东垦区内部示范推广剑麻化肥农药减施增效技术近5万亩,取得了良好社会和生态效益。特别是推广剑麻抗性种苗大田种植,让广东农垦剑麻产业从几乎消亡的边缘重现生机,也为垦区2019年获省级和国家级现代农业产业园项目支持、农业农村部等九部委认定为中国特色农产品优势区奠定了基础。

3 存在问题

3.1 剑麻抗性种苗缺乏

2018年海南昌江青坎农场因环保问题被关停加工厂后，原筛选抗性原种苗的田块也随之淘汰，东方红农场农科所只能于本地（广东湛江麻区）筛选抗病原种苗，尽管获得了成功，但受限于抗病原种田筛选周期长、抗性种苗无法组培扩繁（组培扩繁的种苗抗性下降）等影响，难以为整个垦区供应抗性种苗。由于后续经费支持不足，鉴定出的抗病原种田被种植户淘汰，剑麻抗性种苗的供应后继乏力。

3.2 剑麻种植户及企业的种麻信心不足

近年来，农药、化肥、劳动力等成本一直在上升，而剑麻叶片价格一直不提高，再加上病虫害的困扰，剑麻种植户及企业很少能从剑麻种植中获取利润，大多数处于亏损状态，极大地挫伤了继续种麻的信心。

3.3 基层农技推广力量薄弱

剑麻企业基层极少配备专职的农技推广人员，甚至没有，多数由生产管理人员兼职，无法将全部的精力投入农技推广中，知识技能水平也参差不齐。

4 建议

4.1 加大对剑麻抗性种苗筛选繁育的支持

剑麻抗性种苗筛选繁育的周期长、利润少、风险大，若要满足剑麻产业的供应需求，须制定长远规划，由专门的机构或有能力的企业持续开展剑麻抗性种苗筛选繁育工作，并给予充足的财政资金支持，建立健全激励机制。

4.2 加大对剑麻种植业的扶持

剑麻作为国家战略物资，广泛用于军事、通信、船舶等行业，具有不可替代的作用。为保障剑麻的稳定供应，政府及有关部门应出台相应的扶持政策，帮助剑麻种植户及企业重拾信心。

4.3 加强基层农技人员的知识技能培训

政府及有关部门应按照剑麻产业发展需求，加强调研分析，科学编制基层农技人员培训的长期规划，认真制定年度培训计划，以农技推广补助项目为主要抓手，多形式、分类别、分层次地对基层农技人员开展能力提升培训，积极鼓励和支持农技人员参加学历提升教育，补齐专业知识短板。

生物有机配方肥连续替代化肥对剑麻生长、土壤质量的影响

经福林¹, 冯学娟¹, 毛丽君², 郭继阳², 吴刃¹, 刘志强¹, 张曼其^{1*}

1 广东省湛江农垦科学研究所 广东湛江 524000

2 农业农村部剑麻及制品质量监督检验测试中心 广东湛江 524000

摘要 本文通过在剑麻地连续两年施放生物有机配方肥替代传统化肥施放, 设置有三个处理: 常规施肥 (对照 CK), 施放 1/2 常规施肥+剑麻生物有机配方肥 125 kg/hm² (T1) 和施放剑麻生物有机配方肥 250 kg/hm² (T2), 研究剑麻连续生物有机配方肥对剑麻地土壤养分、微生物量碳氮、酶活以及剑麻叶片生长状况与收益的影响。结果表明: 连续施放生物有机配方肥 (T2) 促进了剑麻植株对钙的吸收利用, 麻片全钙含量高传统化肥施放 0.67 mg/kg, 麻片纤维含量高传统化肥施放 0.35mg/kg; 同时, 剑麻施放生物有机配方肥 (T2) 的麻地相对常规施肥 (CK), 有效提高了剑麻地土壤微生物量碳氮含量、蔗糖酶活性、脲酶活性、过氧化氢酶活性及土壤质量, 减少了化学肥料投入成本, 避免化肥过量施放, 通过成本核算, 两年内 T2 比 CK 增加收入 2400.5 yuan/hm², T1 比 CK 增加收入 663 yuan/hm², 为促进剑麻产业的健康持续发展提供了一种有效方法。

关键词 剑麻; 生物有机配方肥; 生长; 土壤; 收益

Effect on Sisal Growth and Soil Quality by Bio-organic Formulated Fertilizer Consecutively Replaced Chemical Fertilizer

JING Fulin¹, FENG Xuejuan¹, MAO Lijun², GUO Jiyang², WU Ren¹,
LIU Zhiqiang¹, ZHANG Manqi^{1,2*}

1. Guangdong Zhanjiang State Farms Research Institute, Zhanjiang, Guangdong 524000, China)

2. Quality and Safety Inspection Testing Center for Sisal Products, MARA, Zhanjiang, Guangdong 524000, China

Abstract: In this paper, biological organic formula fertilizer was applied in sisal field for two consecutive years instead of traditional chemical fertilizer. Three treatments were set up: Conventional fertilization (CK), application of 1/2 conventional fertilization + sisal bio-organic formula fertilizer 125 kg/hm² (T1) and sisal bio-organic formula fertilizer 250 kg/hm² (T2) were used to study the effects of continuous bio-organic formula fertilizer on soil nutrients, microbial biomass carbon and nitrogen, enzyme activity, leaf growth and yield of sisal. The results showed that continuous application of bioorganic formula fertilizer (T2) promoted the absorption and utilization of calcium in sisal plants, the total calcium content of sisal leaves was 0.67 mg / kg higher than that of traditional chemical fertilizer, and the fiber content of sisal leaves was 0.35 mg / kg higher than that of traditional chemical fertilizer. At the same time, compared with conventional fertilization (CK), sisal applied bioorganic formula fertilizer (T2), effectively improved soil microbial biomass carbon and nitrogen content, sucrase activity, urease activity, catalase activity and soil quality, reduced the input cost of chemical fertilizer, and avoided excessive application of fertilizer. In two years, T2 increased its income by 2400.5 yuan/hm² compared with CK, and T1 increased its income by 663 yuan/hm² compared with CK, providing an effective way to promote the healthy and sustainable development of sisal industry.

Key words: Sisal; Bio-organic Formula Fertilizer; Grow; Soil; Earnings
s hilly region [J]. Acta Ecologica Sinica, 2015,35(17): 5666-5674.

红江橙黄化树种类调查及防控措施

韦球明 林琳 曹炳蓝

(广东农垦红江农场有限公司, 624490)

摘要 红江橙主产于“中国红江橙之乡”广东省湛江市红江农场,是在橙园中选出的一个变异单株,属嫁接嵌合体变异。红江橙风味独特,具有皮薄光滑、果肉柔嫩、多汁化渣、甜酸适中等特点,是我国柑橙的名优新品种。红江农场自1973年开始种植红江橙,历经了49年,目前红江农场红江橙面积已达1.2万亩。红江橙是红江农场经济发展的主导产业,给种植户和农场带来了较好的经济效益。近年来红江橙种植面积不断扩大,由于果园经营管理方式较为粗放、种植技术较为传统等原因,红江橙出现了黄化现象且有越来越严重的趋势,直接影响了产量、品质 and 经济效益。本文通过1.2万亩的红江橙园调查黄化树,抽查30个地块1500株,黄化率达到15%-20%,造成黄化的主要原因有:缺素状黄化、根系受损黄化、病虫害黄化、农事操作不当,通过科学选地和规划橙园、合理修剪、疏花疏果,增强树势、深翻扩穴,科学施肥、加强病虫害防治等措施可有效防控黄化树的发生。

关键词: 红江橙黄化树; 调查; 防控

1 红江橙黄化树调查方法

在红江农场1.2万亩红江橙种植区域开展调查,针对不同类型果园点(不同地形地势、不同土壤、不同树龄和不同管理方法等类型)采取“S”状随机取样调查,统计黄化率。通过日常生产管理和田间走访果农,调查农场红江橙生产管理水平和分析黄化病造成原因。

2 红江橙黄化树调查结果

2.1 症状特征

红江橙黄化并不是简单的一种病害或虫害,而是红江橙树体生长过程一种不正常生长状态。具体症状表现为:叶片部分或大部分颜色出现褪绿变淡黄色或黄白色,树体整体外观失绿黄化,枝梢叶片变小,易干枯脱落,果实变小或畸形,可食性差;树体叶片黄化导致树体光合作用能力降低,树体的吸收能力下降,抗性减弱;主根蜕皮、衰退,根系腐烂,没有新根长出,须根部分腐烂、死亡。

2.2 不同类型红江橙园黄化情况

不同类型橙园黄化调查表

橙园 类型	油甘塘基地 300 亩		沙帽江基地 400 亩		那芒老园基地 200 亩		北涌尾基地 120 亩		关帝庙基地 80 亩		那芒新园 80 亩	
	内容	黄化率	内容	黄化率	内容	黄化率	内容	黄化率	内容	黄化率	内容	黄化率
地形地势	坡地	9%	平地	11%							水田	23%
土壤类型					沙地	17%	壤土	9%				
树龄(年)					15	36%			6	5%		
管理方式	精细	3%			粗放	21%						

调查结果:红江橙调查面积1180亩,抽查30个地块,共计抽查1500株,总体黄化率15-20%,其中:①地形地势部分:低洼水田黄化率23%,平地黄化率11%,坡地黄化率9%;②土壤类型部分:沙质地黄化率17%,壤土多的黄化率9%;③树龄部分:树龄15年黄化率36%,树龄6年黄化率5%;

⑥管理方式部分：精细管理的黄化率 3%，粗放管理的黄化率 21%。

3 黄化种类

造成黄化现象的原因主要有四种：缺素、根系受损、病虫害和果园管理不当。

3.1 缺素状黄化

缺素状黄化表现为叶片多呈对称性，或基本对称性失绿发黄或者畸形，新叶老叶均有表现。红江农场大多数红江橙种植户以施化肥（含氮磷钾硫）为主，施有机肥农家肥少，由于长期使用化肥，土壤酸化板结，进而影响根系生长，导致根系吸收能力和抗逆性降低，叶片褪绿黄化；由于施肥单一，造成红江橙生理性缺镁、钙、铜、钼、硼、铁等元素，引起缺素黄化。

3.2 根系受损黄化

根系是植物的营养器官，良好的根系能帮助植物吸收所需营养，如果根系不好，势必会影响红江橙的树势，造成黄化现象。根系问题表现在，主根蜕皮、衰退，根系腐烂，没有新根长出，须根部分腐烂、死亡。根系引起的黄化，在果园中呈现分散性特点，不会大面积集中出现。幼龄树居多，叶片出现褪绿，均匀黄化，叶脉鲜黄，然后扩展到整片叶子。

由于果园长期单一施入化肥，少施或不施有机肥，导致土壤有机质不断下降，腐殖质得不到补充，造成土壤板结，根系不透气，引起叶片黄化。

3.3 病虫害黄化

3.3.1 黄龙病 据调查，红江农场红江橙黄化的主要病害是黄龙病，黄龙病发病初期是在绿色树冠中出现一条或几条叶片褪绿的小枝，或少数新梢叶片黄化。病梢枝条叶片的树冠和其他部位的枝条叶片相继褪绿，呈现斑驳黄化症状。黄化从最顶部的叶片开始发病，此时黄梢下部的老叶仍是正常绿色，随后向下蔓延，叶变硬，缺乏光泽，即使加强管理后，症状也不会消退。黄龙病主要通过嫁接和红江橙木虱等传播。

3.3.2 根结线虫病 根结线虫病主要是危害红江橙苗根，发病时根部形成大小不等的根瘤，根瘤大多数发生在细根上，严重时出现次生根瘤，并发生大量小根，盘结成团，形成须根团。老熟根瘤逐渐腐烂，导致病根坏死。在病发初期，病株无明显症状，受害严重时，叶片发黄、无光泽、卷曲、呈缺水状。根结线虫病主要由土壤、水流、肥料、病根、苗木等传播。

3.3.3 流胶病 流胶病发病初期皮层出现红褐色小点，疏松变软，中央裂开，流出露珠状胶液，随后病斑（不规则形）扩大，流胶增多，发病后期部分病树树干、病部皮层呈褐色湿润状，有酒糟味，流胶造成主干道组织坏死，叶片主侧脉呈深黄色，叶肉呈淡黄色，并失去光泽，导致叶片提早脱落，枝条枯死，树势衰弱，进而降低果实产量和果实品质。在有伤口病原菌存在的情况下，老树、弱树发病重，长期积水、树冠郁闭的橙园发病重。病菌主要借风雨和昆虫等传播。

3.3.4 红江橙脚腐病 红江橙脚腐病，主要发生在橙树主干以及基部。栽植过深的幼龄树，多从嫁接口开始发病，引起皮层腐烂、须根死亡，病部可达木质部。病斑大多数发生在根颈部，病部皮层不定型，水渍状、腐烂，常流出褐色胶液。受害植株常花多果少，粗皮大果，或果小，提早着色，风味极差。红江橙脚腐病由多种真菌引起，有时是单一病原菌，有时是两种或两种以上的病原菌，主要通过雨水传播，由伤口浸染新的植株。一般土壤黏重板结、排水不良、种植过密的红江橙园发病重。虫害造成主干基部伤口或农事操作导致树干基部皮层损伤，均有利于本病的发生。

3.3.5 天牛危害 天牛幼虫一般在离地 50 厘米内的树体主干处为害，先蛀食皮层，再蛀食木质部，造成许多孔洞，树基黄屑堆积，树皮开裂，导致树体衰弱，甚至枯死。

3.4 红江橙农事操作不当造成黄化

3.4.1 肥害 在施肥过程中，没有按照科学方法施肥造成肥伤害根，导致根系损坏、吸收能力减弱而引起黄化。例如：一次性施肥量过多，水肥没有稀释到一定的倍数；肥料过于集中，施肥位置不当或

直接施在橙苗根系处；土壤过于干旱，施有机肥时，肥料的基质差，或有机肥未完全腐熟，没有与泥土充分混合；施肥时加入许多化肥，并与根系直接接触，导致烂根；首先从枝基老叶尖开始失水变白或黄化枯焦，随后即脱落，枝顶的新叶后脱落或枯焦在枝上不脱落。

3.4.2 药害 防治病虫害时喷施药剂、保花保果时使用某种植物生长调节剂或果园中喷施除草剂时，由于使用浓度不当或使用了不合格药剂使受害部位发生药害，比如：枝条扭曲，叶片皱缩畸形或出现斑点，花蕾露柱，果实出现疵斑或变形，严重时造成叶片黄化，果实脱落，产量减少，品质变劣，树势衰退。

3.4.3 挂果多、树势弱 挂果量过多，造成树势弱，一般以幼年结果树发生的情况居多，由于树体过小，根系吸收与供给营养能力较弱，果农盲目追求产量高，未进行疏花疏果，挂果量超出了果树自身的承载范围，果实和枝叶提前变弱，出现黄化。

3.4.4 涝害 橙园排水不良和不及时排水，造成烂根。果园建在低洼处，地下水位高或雨季排水不良，红江橙根系长时间处于渍水、缺氧状态，造成根系吸收能力差、烂根、难生新根等问题，叶片出现黄化。

4 黄化树防控措施

4.1 科学选地和规划橙园

结合红江农场的土壤、地形地势、水资源、空气质量等具体情况，做到合理规划、科学建园。

4.1.1 橙园地选择 红江橙建园要求：土壤质地良好，土层深厚，疏松肥沃，有机质含量在 1.5%以上，活土层在 0.6 米以上，地下水位 0.6m 以下，有稳定的地表水或地下水，能满足干旱季节的生产灌溉用水，水质应符合 NY/T391（绿色食品 产地环境技术条件）的规定，大气质量应符合 NY/T391（绿色食品 产地环境技术条件）的规定。排水不良地块、低洼地块和地下水位高的地块不宜种植红江橙。

4.1.2 橙园规划 因地型地势情况做好排水系统，起垄开排水沟，防止水浸橙苗；完善灌溉设施，充分利用周边水资源和地下水解决橙苗正常生长用水；规划建设橙园道路，包括出入主道和果园工作路；坡地建园以等梯田建设为主，具有光照充足、保水、保肥和防止水土流失的优点。

4.2 合理修剪、疏花疏果，增强树势

4.2.1 修枝整形 对自然圆头形，树体直立，树干过高，分枝角度小，枝条密集的红江橙树体，进行开天窗、矮化修剪，控制高度在 2.5 米左右，改善通风透气条件。

4.2.2 肥水管理 对弱化、衰老的挂果树，在加强水肥管理的同时进行枯枝，病虫枝和衰退枝修剪，以促进抽出健壮的新梢，更新树冠，恢复树势。

4.2.3 合理种植 对密植果园，株距窄，株与株之间枝条相互重叠，进行回缩修剪，避免枝条重叠，光照不足。

4.2.4 弱树管理 对生长差的多花弱树，在加强肥水管理的同时，进行疏花疏果，保持一定的叶果比，并做好冬春的保叶工作，防止过分消耗营养，出现早衰。

4.2.5 病树管理 针对黄化树，及时摘除果实，以利于恢复树势；针对幼龄树，要减少挂果量，维持树体平衡保持正常生长。

4.3 深翻扩穴，科学施肥

4.3.1 定植前深翻改土 红江橙种植规划地，原来是林地或灌木荒地，应按清木，深松，挖穴的流程科学建园。定植前，在穴底层施入有机肥，如：牛粪 2 吨/亩，撒上石灰 100 公斤/亩，与表土分层填放；中上部施入腐熟的生物有机肥和饼肥等 100 公斤/亩，另加钙镁磷肥 100 公斤/亩，与新土充分混合后，起 0.2 至 0.3 米的土墩备种。

4.3.2 定植后深翻改土 定植后第 2 年~3 年开始，每年在树盘四周深翻扩穴一次，以松土、熟化土壤，培养新根系和壮树。深翻扩穴时，结合施基肥同时进行，扩穴以定植穴位贯通，挖穴深度 0.4~0.5 米，

逐年向外扩展，回填时混以腐熟的农家肥。表土放在底层，新土放在表层。

4.3.3 科学施肥 要根据红江橙不同时期的需要和土壤肥力状况科学施肥，充分满足红江橙对各种营养元素的需求和平衡。以有机肥为主，化肥为辅，采用沟施、撒施和液施的方法，施肥位置在树冠滴水线下的根系位置处。施肥注意事项：施花生麸肥、畜粪肥等，要充分腐熟避免伤根；施化肥时应应在下透雨后和地面湿润时撒施或开沟施；化肥的氮磷钾元素要求合理搭配，不能偏施或长期使用单一化肥，大量元素和中量元素补充要并举进行，尤其是镁、钙、锌、硼元素的补充，酸性土壤增施石灰中合。

4.4 加强病虫害防治

红江橙果园病虫害防治，坚持贯彻“预防为主、综合防治”的方针。做好红江橙病虫害监控和防控工作，掌握病虫害的发生规律，综合农业防治，生物防治，物理防治和化学防治等措施。造成红江橙黄化的病虫害主要有：红江橙黄龙病，根结线虫病，流胶病，脚腐病和天牛等。

4.4.1 红江橙黄龙病的防治 红江橙黄龙病，主要通过嫁接和红江橙木虱传播，具有潜伏期长的特点，采取防治措施如下：(1) 严格检疫制度，选用无病毒苗木在大田种植。(2) 防治红江橙木虱。根据虫情监测，采取统防统治措施，及时喷施 1000 倍的阿维菌素加虱螨脲等药液杀卵杀虫，控制红江橙木虱出口数，摘果后及时喷药清园，杀死越冬期活动差的红江橙木虱，清理果园周边黄皮，九里香等芸香科植物，杜绝红江橙木虱转移寄生。(3) 加强栽培管理，增强树势，提高树体抗病能力，减缓红江橙黄龙病的发生。

4.4.2 根结线虫病的防治 (1) 严格检疫制度，禁止种植带有线虫病的苗木。(2) 果园选择和处理，选择无根结线虫地块种植红江橙，若不得不使用带有病原线虫的土壤时，应在种植前半个月用杀线虫剂进行土壤消毒。(3) 药剂防治，在红江橙树冠滴水线内 50 到 60 厘米扒扩环形表土层，均匀撒施稀释 1000 倍的黄腐酸钾或阿维菌素等药剂并附土防治。

4.4.3 流胶病防治 (1) 加强栽培管理，注意果园排水，尤其在多雨季节，及时排除果园积水；加强肥水管理，增施有机肥，改良土壤，促进根群生长，增强树体抗病力。(2) 结合冬季清园，修剪病虫害枝条和枯枝，创造通透性良好的园区环境，减小越冬病源。(3) 病树治疗，在发病季节经常检查树体，发现病株用稀释 800 倍的战斗或洗树净等药剂防治。(4) 树干涂白，防晒防冻，处理枝干害虫造成的伤口。

4.4.4 红江橙脚腐病防治 (1) 加强橙园管理。做好排灌系统，防止橙园积水；覆盖防晒，改善土壤结构；合理密植，保持橙园通风透光。(2) 种植橙苗时，嫁接口不可埋入土壤。(3) 药剂治疗。在发病季节及时检查橙园情况，发现病株采用稀释 800 倍的战斗或洗树净等药剂治疗，采用波尔多液敷根部。

4.4.5 天牛防治 (1) 及时捕杀成虫，在成虫发生期于晴天中午进行捕捉，可减少产卵数量。(2) 清除虫卵和初孵幼虫。(3) 消灭幼虫，将入木幼虫捉出，或者用物理窒息法和在出口处灌注普通杀虫剂，并用土壤封住洞口。(3) 加强果园管理，在天牛成虫产卵期用石灰浆涂白树干，减少天牛危害发生。

5 结语

综上所述，为了实现红江橙产业的可持续发展，对红江橙黄化树的防控方法研究是非常有必要的。如何有效的解决红江橙的黄化现象，深入了解研究成因，并采取具有有效性、针对性的预防措施，来保护橙树的正常生长发育。防治橙树黄化，需要种植户改变种植过程中的随意性和盲目性，增强防治意识，丰富防治措施，由于红江橙黄化现象是由多因素造成的，且各个果园引起的黄化和采取应对措施也不一样，在生产管理工程中应根据具体情况分析，对症防治，采取综合治理措施，才能更好地解决黄化现象的发生。当前红江橙黄龙病的防控效果不理想，仍需进一步研究探讨防治方法和措施，以达到最佳的防治效果。

参考文献:

- [1] 新编红江橙病虫害诊断与防治图鉴/蔡明段, 彭成绩编著.ISBN978-7-5359-7259-02020.1
- [2] 中国农业科学院植物保护研究所。中国农作物病虫害 (M1.2 版、北京:中国农业出版社, 1996

探讨广东农垦培育发展甘薯产业的意义及建议

李志勇

(广东省农垦总局, 广东广州 510612)

摘要 本文在耕地必须要种植粮食的政策背景下, 结合广东农垦发展战略需求和甘薯产业市场、效益及存在问题, 探讨广东农垦培育发展甘薯产业的切入点, 并提出有关建议。

关键词 甘薯; 脱毒苗; 粮食

中图分类号 Q949.748.5

文献标识码 A

关键词: 甘薯产业; 农垦培育; 建议

广东农垦为广东省政府重点支持的大型骨干企业, 主要从事战略资源、绿色食品、城乡服务等三大主业。近年来, 广东农垦传统产业逐渐出现增长乏力的现象, 急需加快推进产业的提质增效, 而探索发展新兴产业也是应对当前困境的重要出路。

一、政策背景

民以食为天, 保障粮食安全就是守住国家生命线。2022 年中央一号文件对全力抓好粮食生产和重要农产品供给、守住保障国家粮食安全底线作出了全面部署, 提出要确保 2022 年粮食播种面积稳定、产量稳定在 1.3 万亿斤以上, 把 14 亿多中国人的饭碗端得更牢固。2020 年国务院发布了《关于防止耕地“非粮化”稳定粮食生产的意见》《关于坚决制止耕地“非农化”行为的通知》, 要求切实遏制耕地“非粮化”“非农化”行为, 确保耕地必须用于种粮食, 保障我国粮食生产的耕地红线。

受耕地资源约束和种植效益的影响, 小麦、水稻等口粮品种继续增产的空间变小、难度加大, 而甘薯因其高产广适, 块根和茎叶均可食用, 在中国被快速广泛种植。在提倡“大食物观”构建国家粮食安全战略的当下, 甘薯将扮演更加重要的角色, 是我国粮食安全的底线作物。

目前, 广东省正在大力发展甘薯产业, 出台了《广东甘薯产量提升实施方案(2023-2026 年)》, 明确提出: 到 2026 年, 全省甘薯产量比 2022 年提高 20%。甘薯脱毒种苗繁育体系进一步完善, 绿色高产高效生产技术模式得到大面积推广, 甘薯全程机械化短板取得重大突破, 甘薯产业带动能力显著增强, 形成甘薯品种、育苗、种植、加工、销售等全产业链各环节整体协同共促的良性发展格局, 实现粮食增产, 农民增收。

二、广东农垦发展战略需求

《广东农垦经济与社会发展“十四五”规划》明确了广东农垦发展定位: 国家战略资源的保障者、现代农业的引领者、乡村振兴战略的践行者。广东农垦 2021、2022 年工作报告进一步细化了广东农垦发展方向, 做出了“1339”工作部署, 聚焦“战略资源、绿色食品、城乡服务”三大主业, 实施九大工程和开展十项行动。其中, 新兴产业培育壮大行动提出, “加快发展现代设施农业, 因地制宜发展马铃薯和番薯等旱粮产业”。

广东农垦现有耕地 70 多万亩, 主要集中在雷州半岛(约 63 万亩), 且绝大部分为旱地。在耕地必须要种植粮食的政策背景下, 迫切需求探索发展旱粮作物。甘薯作为我国第六大粮食作物, 适宜机械化耕作, 相对容易保存, 皆可鲜食和加工, 正是广东农垦发展粮食作物的最佳选择之一。而且探索甘薯与垦区甘蔗轮作, 能更有效改善甘蔗连作带来的产量降低, 促进农业可持续发展。

三、市场需求及效益

我国是全球最大的甘薯生产国，种植甘薯面积 4045 万亩，占世界的 29.8%；甘薯总产量达 4783 万吨，占世界的 53.8%。由于甘薯营养丰富，保健功能强而深受消费者的欢迎，随着人们生活水平的提高，保健型优质鲜食甘薯需求量越来越大，种植规模也有逐年增加的趋势。此外，甘薯用于淀粉加工、色素提取等方面存在巨大市场空间。其中，将甘薯加工为变性淀粉，在我国的年需求量达到四百万吨以上，但是国产量才是十万余吨，远远不能满足国内变性淀粉需求。我国淀粉加工等行业需要大量的甘薯原料供应，将为甘薯产业提供巨大的发展空间。

2022 年，广东省甘薯种植面积超过 225 万亩，产量约为 300 万吨，位于山东、河南、河北之后，全国排名第四。广东省各地区均有甘薯种植，主要分布于粤西和粤东，粤西占比约为 32%、粤东约 30%，珠三角和粤北种植面积较小，占比分别为 21%和 17%。作为粮食作物，甘薯不仅产量可观，而且近两年甘薯的价格有所上涨，农民的收益也稳步见涨，种植面积较稳定，有提升的趋势。

四、甘薯产业存在的问题

一是病虫害成为制约甘薯生产的重要因素。近年来，黑斑病、疮痂病、根腐病及薯瘟病等有蔓延趋势，危害大且缺乏有效治疗手段，病虫害成为制约生产的重要因素。二是种苗繁育质量整体偏低。由于甘薯缺乏有效的种薯（苗）繁育体系，甘薯脱毒苗的应用率仅 8%。甘薯用苗多为薯农自繁自育种苗，种性退化严重，容易感染病虫害，尤其是甘薯病毒病，严重影响甘薯产量和质量。三是甘薯产业对品种品质和抗性的需求越来越高。虽然我国培育出了一些适合于不同加工用途的甘薯新品种，但推广速度慢，可用于不同加工用途甘薯品种少、品质差，制约了加工业发展。四是新产品研发力度不足。甘薯加工主要以淀粉加工及粉丝、粉皮等传统食品为主，技术含量低，初加工制品多，深加工产品少，企业品牌意识薄弱，产业链有待进一步优化。

五、发展切入点

目前全世界报道的甘薯病毒共有 30 多种，我国已报道的甘薯病毒有 20 多种，而我国甘薯脱毒苗的应用率仅 8%，甘薯病毒严重制约了产业的高质量发展。甘薯脱毒苗是防治甘薯病毒病的最有效措施之一，使用脱毒甘薯苗，一般能提高甘薯产量 15%以上。因此，《广东甘薯产量提升实施方案（2023-2026 年）》提出，要建设以 1 个省甘薯健康种苗繁育中心为主导、N 个主产区健康种苗繁育分中心和大田繁育基地为依托的“1+N”脱毒种苗繁育体系，支持主产区扩建新建一批脱毒种苗繁育中心；争取到 2026 年广东省甘薯种植面积扩大到 290 万亩，年产脱毒种苗能力达到 27 亿株以上，脱毒种苗应用提高至 30%。相比目前仅 8%的甘薯脱毒苗应用率，未来 3 年甘薯脱毒苗将有巨大发展空间。

此外，甘薯作物我国第六大粮食作物，适宜机械化作业，甘薯脱毒苗市场需求量大，符合“大规模”的产业要求；甘薯脱毒苗涉及植物组织培养、病毒检测、三级扩繁，技术要求高，投资成本大，符合“高门槛”的产业要求；甘薯脱毒苗需要经历三级扩繁和供种体系，完整的育苗时间长，符合“长周期”发产业要求。同时，采用工厂化育苗方式繁育甘薯脱毒苗，加快发展现代设施农业，符合广东农垦“现代农业的引领者”的发展定位。因此，有必要以甘薯脱毒苗繁育作为广东农垦探索发展甘薯产业的切入点。

六、有关建议

建议广东农垦发挥土地优势，整合科技资源，利用广东省关于发展甘薯产业的利好政策，以甘薯脱毒苗繁育为切入点，融入广东省甘薯产业发展一盘棋；依托省甘薯健康种苗繁育中心，争取创建 1 家健康种苗繁育分中心和多个大田繁育基地。同时，广东农垦地处南方秋冬薯区，是全国少有的能周年种植和供应甘薯的区域，具有冬种甘薯的区域优势；且在北方薯区春种前，还能抢先上市脱毒苗。应发挥广东农垦的区域优势，瞄准广东地区冬种甘薯苗和北方春种甘薯苗市场，错峰上市，填补市场空白，提高甘薯脱毒苗应用率，助推甘薯产业高质量发展，坚守国家粮食安全底线和践行乡村振兴战略。

胶园套种岗梅高效栽培技术研究

张明俊 谢黎黎 陈海坚

广东农垦热带作物科学研究所 广东化州 525145

摘要：叙述橡胶园套种岗梅在实际生产中高产栽培的措施。论述了该技术对于推广南药种植，提高胶园效益，促进天然橡胶产业和南药产业发展。探讨套种发展中存在的问题及对策，进而为产业发展和土地利用提供必要的参考。

关键词：胶园；套种；岗梅；栽培技术

0 引言

岗梅，中药名，为冬青科冬青属植物梅叶冬青[*Ilex asprella* (Hook. et Am.) Champ. ex Benth.]的根和茎。分布于江苏、浙江、江西、安徽、湖北、湖南、福建、台湾、广东、广西、海南等省。具有清热解毒，生津，利咽，散瘀止痛之功效，用于流感高热，急性扁桃体炎、咽喉炎、肺脓肿，跌打损伤，疥疮，颈淋巴结核，是具有悠久使用历史的药食两用植物。《“十四五”中医药发展规划》提出推动中药产业高质量发展，加强道地药材生产管理，广东省提出要建设“国家中医药综合改革示范区”和“粤港澳大湾区中医药高地”。茂名属广东农垦道地与大宗药材产业核心区，也是广东垦区道地与大宗南药产业优势集聚区。岗梅为三九感冒灵等感冒药的主要原料，年用量达到 5 万吨，目前茂名垦区种植岗梅 3 万亩，因此做好高效栽培技术研究利于橡胶和南药产业持续健康发展。

1 种苗及定标

1.1 产地环境

岗梅生态适宜区较广，热带至亚热带地区均可种植。

1.2.立地条件

种植地块选择在土层深厚、质地良好、排水良好、远离城市和化工厂区且排水良好，坡度小于 30 度的园地或林地。

1.3 种苗

岗梅种子结实率比较高，一般采用破休眠方法进行种子繁殖，也有扦插及组培繁育方法。待种植的种苗分为袋苗和裸根苗。袋育苗在种苗健壮，无病虫害，茎干硬挺，种苗高度 40~50cm，顶稍老熟时可上山定植。裸根苗为种苗健壮，无病虫害，种苗地径达到 0.5cm 以上，种苗高度 50~65cm，带有短根系，扎成 50 株/捆，生根剂混泥水浆根保湿待种。

1.4 新开荒地种植岗梅技术

1.4.1 纯地岗梅种植主要为砍芭，清理树木、杂草，平整场地，做好排水。可按 1m×1m 或 1m×1.2m 的株行距，500 穴/亩左右。穴的规格为长宽深各 30cm，每穴施入腐熟有机肥 0.5kg，并与穴土混匀。行间铺地膜，防控杂草生长。

作者简介：张明俊，男，1982 年 1 月生，高级农艺师，主要从事热作栽培、农艺。通信地址：广东省化州市石湾街道广东农垦热带作物科学研究所，Tel: 13423558207, E-mail: mjz0124@163.com。

1.4.2 胶园套种岗梅主要采用技术

间种布局原则。采用橡胶岗梅间种的新胶园，原则上位于山脚、山顶等与农村土地交界处种植橡胶，地块内橡胶行间留出水平宽 8~10 米的地块种植岗梅。一般按“2 行橡胶梯带+2 行岗梅梯带”方式滚动布局，也可结合地形实际规划布局。

橡胶种植规格。结合地形实际，按梯带宽 4~5 米、橡胶株距 2.5~3 米的规格开垦土地。每条梯带种植一行橡胶树。按实际种植面积计，一般每亩种植橡胶 20 株。

岗梅种植规格。岗梅按 1m×1m 或 1m×1.2m 的株行距种植，梯带内一般可种植 3 行，穴的规格为长宽深各 30cm，每穴施入腐熟有机肥 0.5kg，并与穴土混匀。200~250 穴/亩。在岗梅行间或苗头铺地膜有利于岗梅成活。

1.5 老残胶园套种岗梅技术

地面平整，靠近胶树留工作行 1m，按 1m×1m 或 1m×1.2m 的株行距，穴的规格为长宽深各 30cm，每穴施入腐熟有机肥 0.5kg，并与穴土混匀。200 穴/亩左右，具体根据林段条件而定。在岗梅行间或苗头铺地膜利于成活及防草。在Ⅲ类胶园林下种植的岗梅，仍需要一定光照，光照不足的林段下种植生长较慢，影响产量。因此，要求在岗梅种植前，结合整地，对Ⅲ类胶园死皮树、残桩进行必要的疏伐，尽量为岗梅提供适宜光照条件，一般每亩保留橡胶树不低于 16 株。

2. 栽培技术要点

2.1 移栽时间

岗梅种植时间，袋苗在当年 11 月~翌年 4 月、裸根苗在 1~4 月为宜，阴雨天移栽最佳。

2.2 定植方法

袋苗定植方法。定植时，去除育苗袋，保持泥柱完整，放入穴中回泥压实，覆泥深度以盖过泥柱约 1cm，做树盘便于淋定根水，浇透定根水。

裸根苗定植方法。定植时，浆根后，将苗放入穴中直立，回泥压实，覆泥深度以盖过原有根系约 1cm，做树盘便于淋定根水，淋透定根水。

2.3 田间抚管

2.3.1 补植

定植后 1 个月内，发现有死苗，如有条件可进行补种，应确保种植成活率在 90%以上。方法同定植方法。

2.3.2 中耕除草

种苗定植后未封行前应及时除草，以杂草平均高度 40cm 时中耕除草。覆盖地膜的将苗头杂草除去。种植后前三年，每年春秋各中耕除草 1 次。

2.3.3 施肥

在每年 2~3 月、8~9 月各施用化肥一次，每次施用尿素或复合肥 0.1kg/株。

2.3.4 修剪

当主茎长到 2m 左右时应打顶，以利主茎和根系生长发育，提高药材产量与质量。

2.3.5 病虫害综合防治

岗梅要结合生长物候及时进行病虫害防治。岗梅虫害主要为蚜虫和天牛，蚜虫为害嫩梢，防治方法喷洒蚜虱净 1000 倍液；天牛以幼虫蛀食主干，防治方法喷施氯氰菊酯 1200 倍液。岗梅病害主要为炭疽病和枝枯病，炭疽病症状为茎干出现黄褐色病斑，萎缩，枝叶枯死，内部黑化。防治方法为及时清除病株，喷施代森锌 600 倍液或甲基托布津 800 倍。枝枯病为小孢拟盘多孢菌危害，症状为干枯，防治方法同炭疽。因此，在岗梅药材规范化生产中病虫害防治也应有针对性地采取相应措施，坚持以防治为主，物理防治结合化学防治，达到综合防治。

3.采收及加工

3.1 采收期

岗梅采收年限为6年左右，全年均可采收，当年11月至翌年1月份最佳。

3.2 采收加工

选择在晴天挖起全株或茎干，留根，除侧枝、去除你啥杂质，洗净，进行切片烘干或晾晒烘干。水份低于13%即可按照标准要求进行包装入库，仓贮应具备透风除湿条件。

4 胶园套种岗梅栽培存在问题与对策

4.1 问题

岗梅作为垦区主要南药种植品种，栽培取得不可取代的作用，间作技术日益为人们所接受的同时，仍然面临一些挑战和问题：①南药生态种植系统工程，需要综合全面的农业基础知识和技术人才；②林药综合管理利用，在肥水管理等方面认识还不足，综合技术研究推广需要一个长期过程；③农艺农机结合需要一个研究阶段，机械化程度提高继续解决。

4.2 对策

①橡胶林下套种南药是一项生态种植系统工程，需要健全科技推广体系建设，充实综合性农业技术人才队伍；②完善林药综合管理利用技术规范，建立南药趁鲜加工质量标准，提高机械化应用水平；③加强院企科研交流，从分子水平进行岗梅及其混伪品的分子生物技术鉴定，选育高效药理药效化学成分优良种质。

参考文献

- [1]卓雪兰, 刘惠芳, 陈秋芳, 等, 岗梅种苗繁育与栽培技术[J].现代园艺.2019, 21:108-110
- [2]梅瑜, 周子雄, 王继华, 等, 南药岗梅研究进展[J].热带农业科学.2020, 40(2) 31-38

云南德宏石斛产业发展现状调查报告

李桂林¹，李泽生¹，贾敏¹，周侯光¹，孙笑川²，杨恩菊^{2*}，

(1 云南省德宏州热带农业科学研究所，云南 瑞丽 678600

2 德宏州林业和草原局，云南 芒市 678400)

摘要:截止 2022 年 12 月，云南德宏石斛种植面积 1242hm²，占全省总面积的 15.40%。其中芒市 735hm²、盈江县 272hm²、瑞丽市 203hm²、梁河县 18hm²、陇川县 14hm²。包括铁皮石斛 1001hm²、齿瓣石斛 124hm²、兜唇石斛 103hm²、其它石斛 14hm²。投产面积 969hm²，鲜条产量 8219 吨，产值 6.15 亿元。种植的企业和户数有 865 户。在云南德宏已经成为了重要的特色产业，吸收了 745 户 1490 个固定管理人员、37250 人富余劳动力就业。特别是在芒市、盈江县和瑞丽市的一些企业已经成为了带动当地“三农经济”发展的典范，助力扶贫和乡村振兴。

关键词: 德宏；石斛；产业现状；

石斛为兰科石斛属植物^[1]，我国是世界上最早重视兰科植物的国家^[2]，其作为珍稀名贵中药材，最早见于《神农本草经》，是中药上品，有强阴补虚功效^[3]。据石斛专委会 2021 年公布数据，截止 2021 年 12 月，我国石斛属植物种植总面积 30267hm²，综合产值逾 500 亿，上百万人从事石斛相关的工作。云南石斛种植面积 8067hm²，占全国总面积的 26.65%，产量 38911 吨，产值 80 亿元^[4]。为推动云南德宏石斛产业的健康有序发展，掌握产业发展现状，在德宏州林业和草原局、德宏州 5 个县（市）林业和草原局的协调下，2022 年对云南德宏石斛产业发展现状进行了调查，实地考察了相关企业、石斛种植基地、石斛销售市场、石斛加工基地、电话咨询了部分种植户，总结产业发展现状，探寻石斛产业可持续发展的技术路径，助力乡村振兴。

1 云南德宏石斛产业发展现状

1.1 具有发展石斛产业得天独厚的优势

云南德宏州位于云南省西部，属南亚热带气候，海拔 210m~3404.6m，年均气温 18.6℃~21.0℃，年降雨量 1366.1~1606.6mm，年日照时间 2119.1~2318.7h。冬无严寒，夏无酷暑，有适宜石斛生长的海拔和气候条件，光、热、水、土条件优越，石斛资源非常丰富。杨新凯公布德宏石斛 56 种^[5]，胡永亮公布德宏分布有石斛 30 种^[6]，袁玉美公布德宏州 32 种、潞西市有 14 种^[7]，李桂林公布瑞丽市有 40 种^[8]。2020 年 6 月 12 日，云南铁皮石斛获批全国药食同源首个省份，“十四五”期间，石斛已列入云南“十大云药”^[9]，2012 年中国中药协会授予芒市“中国石斛之乡”，2013 年原国家质检总局批准对“芒市石斛”实施地理标志产品保护^[10]，2013 年云南省科技厅、云南省食品药品监督管理局授予芒市“云药之乡”（石斛），2014 年云南省科技厅、云南省食品药品监督管理局授予瑞丽市“云药之乡”（石斛）。同时云南省德宏热带农业科学研究所位于德宏州瑞丽市，建有占地 30 亩，经农业部授牌的“瑞丽石斛

基金项目: 2021 重大专项（生物医药）--云药之乡西北部片区产业技术创新及应用-德宏州云药之乡产业服务体系创新及应用（202102AA310045）。

作者简介（第一作者）：李桂林（1976-），女，云南瑞丽人，研究员、大学本科，主要从事药用植物资源收集保护与品种评价及栽培技术等研究。E-mail: liguilin1976@126.com。

*通讯作者：杨恩菊（1971-），女，云南盈江人，高级工程师，硕士研究生，主要从事林下经济植物种质资源保护与利用研究。E-mail: 534451127@qq.com。

种质资源圃”，有一个专门从事石斛研究的“德宏石斛产业化发展创新团队”。据中国知网数据库数据，该团队累计发表石斛相关论文 83 篇，在全国排名 18 位，4 位科技人员的发文数量排名前 20^[10]。综上，云南德宏具有发展石斛得天独厚的气候、资源、基础条件、政策、科研和人才优势。

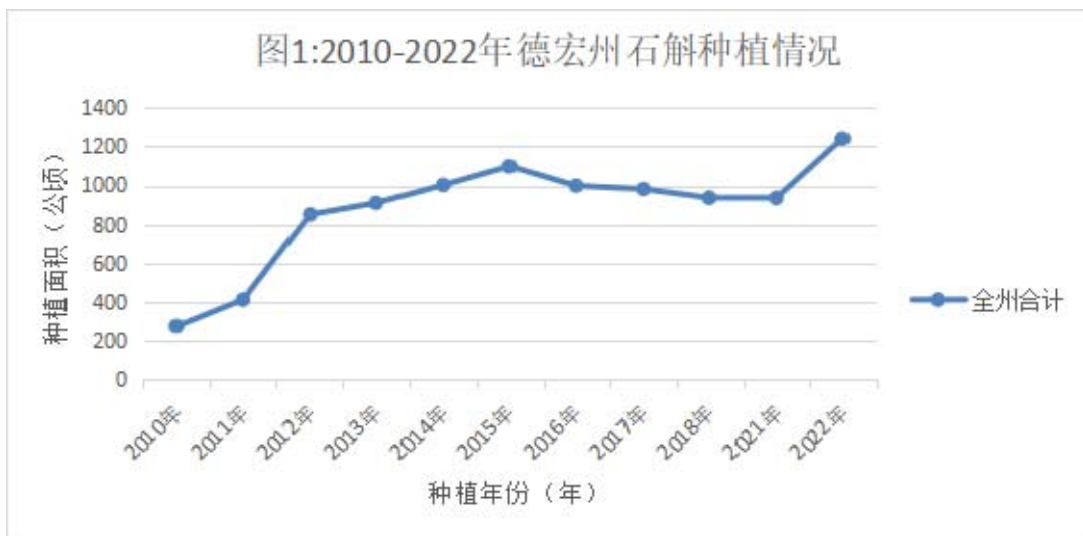
1.2 云南德宏石斛产业发展现状

1.2.1 德宏州石斛种植面积

德宏州石斛种植始于 20 世纪 90 年代，2003 年以后人工种植石斛获得成功^[11]。据德宏州林业和草原局统计数据(表 1、图 1)，云南德宏 2010 年到 2013 年石斛产业跨越式发展，从 272hm² 增加到 910hm²，涨幅 3.35 倍；2014 年到 2015 年小幅增长，从 1002hm² 增加到 1098hm²；2016 年到 2021 年是德宏石斛产业发展的调整期，在 900hm² 范围内连续 6 年持续小幅下降；截止 2022 年 12 月，全州石斛种植面积 1242hm²，比 2010 增长了 4.57 倍，占全省总面积的 15.40%。种植的模式主要是大棚集约化种植，仿野生种植因其产量较低，面积增幅小。历经 12 年的发展，德宏州石斛产业发展趋于稳定。

表 1:
2010-2022 年云南德宏石斛种植面积 (hm²)

年份	2010 年	2011 年	2012 年	2013 年	2014 年	2015 年	2016 年	2017 年	2018 年	2021 年	2022 年
种植面积	272	408	850	910	1002	1098	998	981	936	935	1242



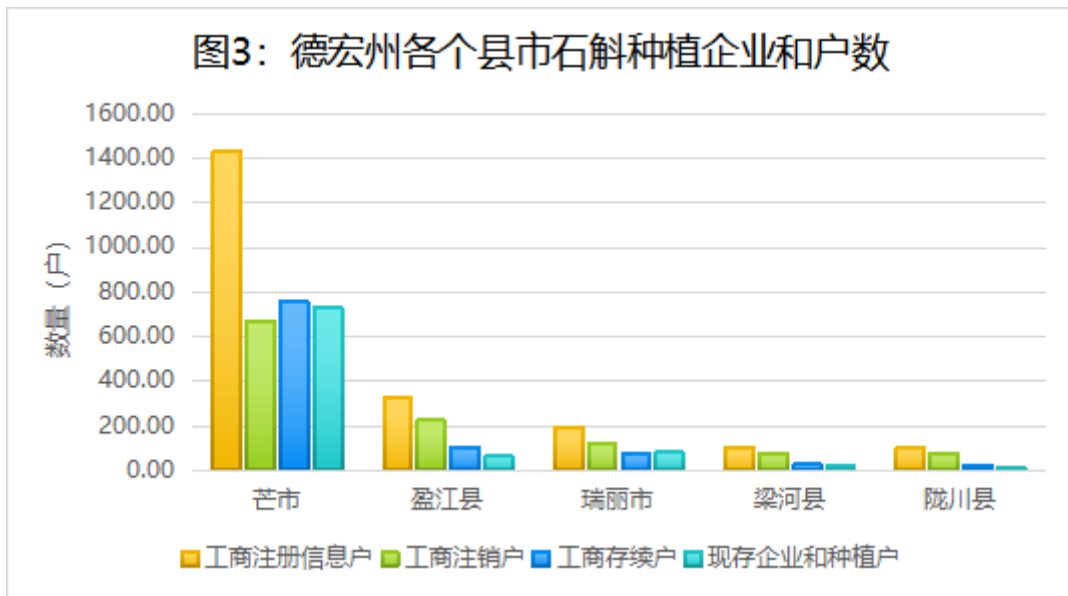
1.2.2 德宏州各县市石斛种植情况

截止 2022 年 12 月，云南德宏州 5 个县市都有石斛种植，其中芒市从 2010 年的 67hm² 发展到 735hm²；盈江县从 17hm² 发展到 272hm²、瑞丽市从 164hm² 发展到 203hm²、梁河县从 6hm² 发展到 18hm²、陇川县从 19hm² 发展到 14hm²。德宏州石斛产业发展在 2015 年和 2018 年出现 2 个拐点，2015 年以后全州 5 个县市石斛种植面积整体下降，2018 年以后受气候环境、投资区位优势等影响，芒市和盈江县石斛种植面积持续稳定增长，瑞丽市石斛种植面积小幅增长，梁河县和陇川县的石斛种植面积持续下降，只有少数企业和种植户在发展石斛产业（图 2）。



1.2.3 德宏州各县市石斛种植企业和户数

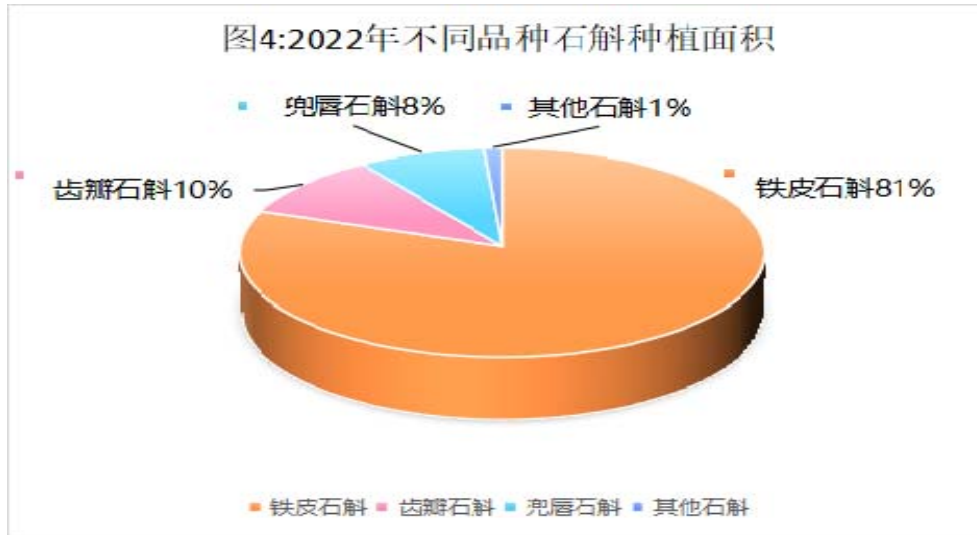
从天眼查查询到德宏州累计注册石斛种植工商信息的企业、合作社有 2154 个，其中石斛加工相关的有 572 个，已经注销 1170 个，现存续中有 984 个。其中芒市有 1429 个，注销了 672 个，现存续中有 757 个；盈江县有 326 个，注销了 224 个，现存续中有 102 个；瑞丽市有 196 个，注销了 121 个，现存续中有 75 个；梁河县有 101 个，注销了 75 个，现存续中有 26 个；陇川县有 102 个，注销了 78 个，现存续中有 24 个。据不完全统计数据，截止 2021 年有石斛种植的企业和户数 865 户，其中芒市有 729 户、盈江县有 80 户、瑞丽市有 62 户、梁河县有 20 户、陇川县有 11 户（图 3）。按照基地日常维护常规用人折算：25 亩基地安置 1 户 2 个人管理、零星用工 2 人/亩/年，吸收了 745 户 1490 个固定管理人员、37250 个富余劳动力就业。



1.2.4 德宏州种植石斛品种

截止 2022 年 12 月，德宏州种植有铁皮石斛 1001hm²，占全州石斛总面积的 80.60%，齿瓣石斛 124hm²，占全州石斛总面积的 9.98%，兜唇石斛 103hm²、占全州石斛总面积的 8.29%，其它石斛 14hm²，占全州石斛总面积的 1.13%（图 4）。受气候环境、市场需求和经济效益影响，铁皮石斛稳步

发展，齿瓣石斛和兜唇石斛逐渐退出种植，梳唇石斛、鼓槌石斛等其他石斛零星种植。铁皮石斛种质来源主要有浙江种（占 80%以上）和云南种（20%以内）的组培苗，其中浙江种种质来源比较广，主推表现为绿杆、绿顶的种质；云南种主要来源于红河群鑫石斛种植有限公司繁育的广南本地原生种源，包括红鑫 1 号、红鑫 5 号、红鑫 6 号、红鑫 9 号等，主推红鑫 6 号。在德宏州内的石斛种苗繁育基地有 2 家，包括芒市浙乐石斛有限公司和云南省德宏热带农业科学研究所。梁河县部分合作社因繁育扦插苗技术比较成熟，为了降低种苗成本，自行繁育扦插苗，发展石斛产业。



1.2.5 德宏州不同品种石斛价格

在德宏州芒市风平镇幸福村，有一个宇鑫石斛交易市场，5天一街全年批发石斛产品。产品有鲜品、枫斗和烤条。据宇鑫石斛交易市场、各个石斛基地和加工厂报价，不同品种和同一品种石斛的产品价格波动较大。在德宏州，铁皮石斛 11 月至翌年 7 月都有鲜品销售，鲜品最佳采收期是 2~3 月，鲜品零售价 7~12 万元/t、批发价 5.8~7 万元/t，枫斗零售价 38~60 万元/t、批发价 30~50 万元/t，烤条 22~26 万元/t。齿瓣石斛鲜品采收期 10 月中旬至翌年 1 月中旬，鲜品零售价 3.6~4 万元/t、批发价 3~3.6 万元/t，枫斗零售价 30~38 万元/t、批发价 25~30 万元/t。兜唇石斛鲜品采收期 12 月至翌年 2 月，鲜品价格 1~1.5 万元/t，枫斗价格 1.5~2 万元/t。鼓槌石斛 4 月中旬至 5 月采收鲜花，6 月采收鲜茎，鲜茎价格 1~1.5 万元/t，切片价格 20~26 万元/t，干花价格 50~65 万元/t。梳唇石斛鲜品采收期 2~4 月，鲜品价格 20~30 万元/t，枫斗价格 80~90 万元/t。

1.2.5 全州石斛产量和产值

历经 12 年的发展（表 2），云南德宏石斛投产面积 969hm²，鲜条产量 8219 吨，产值 6.15 亿元，平均产值 63.47 万元/hm²。云南德宏石斛产量从 2010 年 556 吨增加 2022 年的 8219 吨，涨幅 14.78 倍。产值从 2010 年 6984 万元增加到 2022 年的 6.15 亿元，涨幅 8.81 倍。2011~2014 年，产量从 1248 吨涨到 3716 吨，产值分别 1.9 亿元、3.17 亿元、3.93 亿元、2.37 亿元。2015 年 4433 吨产量获得 6.6 亿元的历史最高产值。受产品价格调整影响，2016~2017 年产量高达 7020~8087 吨，产量比 2015 年翻一番，产值只有 3.40 和 4.32 亿元。2018 年受大量种植园翻新种植影响，产量下降到 5003 吨，产值也只有 2.41 亿元。2021 年以后，德宏石斛产业调整基本完成，铁皮石斛种植面积占 80.60%，产量逐年增加，从 6968 吨增长到 8219 吨，产值也在增长，从 5.13 亿元增加到 6.15 亿元，基本与 2015 年持平。从德宏州石斛产量和产值（图 5、图 6）分析，德宏州石斛产量在 2017 年和 2018 出现了 2 个拐点，2010~2017 年产量逐年增加，2018 年产量下降到 5003 吨，2022 年又恢复到 8219 吨。德宏州石斛产值波动较大，2010~2013 年逐年增长，2014~2018 年不停的在波动，2018 年以后呈现逐年增长的态势。综上，种植

石斛产值完全受市场和种植品种控制，不随产量的提高而增加。

表 2：2010-2022 年德宏州石斛产量和产值

年份	2010年	2011年	2012年	2013年	2014年	2015年	2016年	2017年	2018年	2021年	2022年
产量(吨)	556	1248	2083	2583	3716	4433	7020	8088	5003	6968	8219
产值(万元)	6984	18990	31687	39294	23647	66045	33954	43203	24090	51346	61497



2 机遇与挑战

2.1 发展机遇

2.1.1 大健康下带来的发展机遇

随着生活水平的提高，人们对健康生活更加向往、对天然生物医药产品和健康保健食品的需求将更加强烈，国内外市场对石斛鲜品与干品药材、中成药品和各类保健食品的需求将更加旺盛。目前，中国 160 余家以石斛为原料的制药企业年石斛原料需求量保持在 1.5 万吨以上，“十四五”及今后较长时期，每年还将以 20% 的增幅逐年增长^[10]。

2.1.2 国家政策调整的重大机遇

2019 年，国家卫健委对党参、铁皮石斛、西洋参、灵芝等 9 种物质，按照既是食品又是中药材的物质生产经营开展试点工作(国卫食品函〔2019〕311 号)，标志着石斛的使用范围将正式由药材领域扩展到食品领域，石斛将会频繁出现在人们的日常生活中。2020 年 6 月 12 日，云南铁皮石斛获批全国药食同源首个省份；“十四五”期间，石斛被列入云南“十大云药”重点发展^[9]，云南省石斛产业正在

迎来前所未有的巨大发展空间。

2.2 石斛产业发展存在的问题

2.2.1 大棚集约化种植石斛占用耕地，与国家严格耕地用途管制政策有冲突

德宏州石斛种植模式目前 90%以上为大棚集约化种植，有部分大棚集约化种植在耕地上。2020 年以来，国务院办公厅、自然资源部、农业农村部、国家林业和草原局陆续出台文件，提出坚决制止耕地“非农化”行为（国办发明电〔2020〕24 号、防止耕地“非粮化”稳定粮食生产的意见（国办发〔2020〕44 号）、关于严格耕地用途管制有关问题的通知（自然资发〔2021〕166 号）、自然资源部关于在经济发展用地要素保障工作中严守底线的通知（自然资发〔2023〕90 号）。从目前的发展模式来看，部分大棚集约化种植石斛占用耕地，与国家严格耕地用途管制政策有冲突，后续需要陆续调整产业发展模式，探索一条产业可持续性发展的路径。

2.2.2 石斛种质资源保护持续支持力度不够

瑞丽市有“瑞丽石斛种质资源圃”和“瑞丽市石斛国家林木种质资源库”2 个石斛种质资源圃（库），“瑞丽市石斛国家林木种质资源库”建设期国家每年下达建设经费，受经费影响，“瑞丽市石斛国家林木种质资源库”和“瑞丽石斛种质资源圃”在维持发展。

2.2.3 石斛标准创立滞后，品牌化影响力不足

德宏无统一规范的标准化栽培技术规范，未创建石斛标准体系，产品品质参差不齐。干邦亚紫斛这个地理性品牌，曾经是德宏石斛的名片，但是后续未持续推广。

2.2.4 粗放经营、加工滞后，产业链还未形成

德宏州石斛产业基本上是粗放性经营，产品研发投入特别少。产业链以石斛原料输出为主，90%以上的基地还是直接销售鲜品、初加工枫斗、干条和干粉，无产品研发。市场主要还是外销为主，德宏本土消费市场还未形成。抗风险能力严重不足。

2.2.5 龙头企业发展不畅，引领带动作用弱，产业集群发力不够

德宏州累计注册石斛种植工商信息的企业、合作社有 2154 个，其中加工有 572 个，已经注销 1170 个，现存续中有 984 个，有规模和影响力的也仅有 2 家企业，目前这 2 家企业的发展也受阻。

2.2.6 产业发展人才匮乏

石斛产业涉及多学科领域的知识与技术，专业技术人才队伍的建设尤为重要。德宏地处边疆地区，条件艰苦，高素质人才引进困难，“懂技术、懂经营、懂管理”的复合型人才严重缺乏。

3 发展对策

3.1 高度重视，高位推进石斛产业发展

建议州委、州政府成立石斛产业发展领导小组，设立石斛产业发展基金，明确主管部门。全州一盘棋，统一规划，统一指导，统一扶持政策，统筹推进石斛产业发展。

3.2 加大科技投入，探索并推广符合国家耕地政策的多种种植模式

加强与国内科研院所合作，开展石斛在经济林树上仿野生种植，经济林下集约化种植，石斛与粮食作物间作、套种等多种种植模式开发研究。集成应用石斛在经济林下高效种植模式；探索在不破坏耕地耕作层且不造成耕地地类改变的前提下，粮食作物与石斛适度发展种植模式。解决桉桔石斛在经济林下仿野生种植经济效益低的问题。

3.3 规划建设石斛仿野生种植产业园区，扶持企业发展

以芒市为中心，盈江、瑞丽为重点，加大财政扶持力度，坚持招商引资和壮大现有企业相结合的原则，扶持企业新建经济林下石斛仿野生种植示范园，支持相关企业提升改造，做大做强。盘活现有的石斛仿野生种植示范园，建设集石斛仿野生规范化种植、观光旅游、科普宣传、高科技展示为一体的石斛仿野生种植产业园，通过示范，推广仿野生种植模式，辐射带动产业发展。

3.4 扩大影响力，形成良好氛围

依托宇鑫石斛交易市场，由政府牵头在德宏州举办“德宏石斛文化节”，邀请国内石斛界、中药材界、康养界、高校和科研院所等人员参加，通过文化节的举办，扩大宣传效应和影响力，提高德宏本地人对德宏石斛的认知和参与度，展示德宏石斛产业品牌与文化，营造科学认识、消费、发展石斛的社会良好氛围，促进石斛产业健康可持续发展。

致谢：本文调查过程中得到了德宏各个县市林业和草原局的支持，谨此致谢！

参考文献：

- [1] 国家药典委员会.中华人民共和国药典:一部[M].北京:中国医药科技出版社,2020:94-97,295-296.
- [2] 王雁,周进昌,郑宝强,陈振皇,黄祯宏.石斛兰[M].北京:中国林业出版社,2014.
- [3] 杨明志,赵菊润,何伟.石斛名医临床与食疗应用[M].成都:四川科学技术出版社,2018.
- [4] 杨明志,单玉莹,陈晓梅,张朝凤,李振坚*.中国石斛产业发展现状分析与考量[J].中国现代中药.2022,24(8):1395-1402.
- [5] 杨新凯,杨正华,蒋宏.德宏石斛[M].昆明:云南出版集团云南科技出版社,2017.
- [6] 胡永亮,白燕冰,赵云翔,李桂琳.德宏地区药用石斛资源调查与保护利用[J].热带农业科技.2009,32(1):33-35.
- [7] 袁玉美.潞西市石斛种质资源及栽培技术[J].林业调查规划.2005.30(2):112~114.
- [8] 李桂琳,胡永亮,周侯光.瑞丽石斛资源调查及产业化发展现状[J].中国热带农业.2012(4):28-31.
- [9] 万修福,王升,康传志,等.“十四五”期间中药材产业趋势与发展建议[J].中国中药杂志,2022,47(5):1144-1152.
- [10] 杨明志,赵菊润,李振坚.中国石斛产业发展报告[M].北京:中国健康传媒集团中国医药科技出版社,2022.
- [11] 李桂琳,李泽生,高燕,等.云南德宏石斛产业及可持续发展[J].热带农业科技,2020,43(2):24-28,33.

孕穗期喷施外源硒对水稻产量和糙米硒含量的影响

李许明¹,周胜锋¹,蒋博¹,李福燕^{1*}

1. 广西民族师范学院化学与生物工程学院, 广西崇左 532200

摘要: 为了探索桂西南地区氨基酸硒肥对水稻产量及糙米中硒含量的影响, 为形成区域安全、低成本的富硒水稻种植技术, 以桂西南六种常见水稻为供试材料, 在水稻孕穗期喷施氨基酸有机硒肥, 探究喷施硒肥对不同水稻株高、穗长、产量及糙米硒含量的影响。结果表明: 叶面喷施硒肥对水稻株高、穗长、千粒重和产量无显著差异, 但不同水稻品种间存在显著差异, 其中表现较好的是中浙优 15 号、昌两优馥香占、耕香优荔丝苗 3 个品种。叶面喷施硒肥对水稻产量无显著差异, 但不同水稻品种间存在显著差异, 其中表现较好的是昌两优馥香占、中浙优 15 号、野香优明月丝苗 3 个品种。在硒含量方面, 叶面喷施硒肥对水稻糙米硒含量具有显著影响且不同品种对硒的富集能力存在显著差异, 其中野香优莉丝、中浙优 15 号以及野香优明月丝苗 3 个品种富硒能力较强且均符合广西富硒水稻标准。综合分析, 6 个参试水稻品种以昌两优馥香占和中浙优 15 号在株高、穗长、结实率和产量上的表现较佳且富硒能力较强, 可为当地种植优质富硒水稻提供参考。

关键词: 水稻; 氨基酸硒肥; 产量; 硒含量; 糙米

Effect of Spraying Exogenous Selenium at Booting Stage on Rice Yield and Selenium Content in Brown Rice

LI Xu-ming¹, ZHOU Sheng-feng¹, JIANG Bo¹, LI Fu-yan^{1*}

1. College of Chemistry and Bioengineering of Guangxi Normal University for Nationalities, Chongzuo 532200, China

Abstract: Objective: To explore the effects of amino acid selenium fertilizer on rice yield and selenium content in brown rice in southwestern Guangxi, and to develop a safe and low-cost selenium-rich rice planting technology. Method: Six common types of rice in southwestern Guangxi were selected as experimental materials, and amino acid organic selenium fertilizer was sprayed during the rice booting stage to explore the effects of spraying selenium fertilizer on different rice plant heights, ear lengths, yields, and selenium content in brown rice. The results showed that there was no significant difference in the agronomic traits of rice by spraying selenium fertilizer on the leaves. There were significant differences in agronomic characters among different rice varieties, among which Zhongzheyou15, Changliangyoufuxiangzhan and Gengxiangyoulitsimiao were the best. There was no significant difference in rice yield by spraying selenium fertilizer on leaves. There were significant differences in yield among different rice varieties, among which Changliangyoufuxiangzhan, Zhongzheyou15 and Yexiangyoumingyueshimao were the best. As for the selenium content of rice brown rice, spraying selenium fertilizer on the leaf surface has a significant impact on the selenium content of rice brown rice, and there is a significant difference in the selenium enrichment ability of different varieties. The selenium level of three varieties, Yexiangyoulisi, Zhongzheyou15 and Yexiangyoumingyueshimao, reached the selenium rich rice standard in Guangxi. Conclusion: Among the six rice varieties tested, Changliangyoufuxiangzhan and

基金项目: 广西高等教育本科教学改革工程项目 (2022JGA354); 广西民族师范学院校级教改项目 (JGYB202314, JGYB202231); 广西民族师范学院校级思政教改项目 (KCSZ202113); 广西民族师范学院横向课题 (MSYH20221201); 崇左市科技计划项目 (崇科 FA2020019)

作者简介: 李许明 (1983 -), 讲师, 硕士, 研究方向: 农业资源与环境。E-mail: 77027971@qq.com

通讯作者: 李福燕, 副教授, 博士, 研究方向: 农业资源与环境。E-mail: 107870655@qq.com

Zhongzheyu15 had better performance in agronomic characters and yield, and had stronger selenium enrichment ability, which could provide reference for local planting high-quality selenium rich rice.

Key words: Rice; Amino acid selenium fertilizer; Yield; Selenium Content; Brown Rice

硒是仅次于碘和锌的第三大微量元素，具有“抗癌之王”和“天然解毒剂”的美名^[1,2]，具备提高免疫力、减缓衰老、预防糖尿病、大肠癌和 HIV 病毒的作用^[3]。我国居民均硒摄入量仅为 43.3 ug/d^[4]，显著低于世界卫生组织推荐的 60 ug/d^[5]。在我国 72% 的地域处在缺硒或低硒生态环境之中^[6]，这些地方无法达到中国营养学会和国际硒学会建议的硒供给量 50 ug/d 和 60 ug/d^[7] 的规定。人体所需的硒主要来源于食物，人体无法自主生成。因此，日常膳食含硒量的高低直接影响着人体硒的营养水平^[8]，而人体硒营养情况主要受饮食习惯、食品中硒的含量、当地土壤硒的含量等影响^[9]。目前人体硒补充途径主要包括：富硒的动植物产品及各种硒的合剂。作物通过根系或叶片吸收外源硒进行同化，能够将无机硒转化成有效性更高、更稳定的有机硒，而有机硒才是对人体有益的硒形态^[10]。

水稻是国内三大农作物之一，14 亿中国人口中有 60% 以上的人每天都以大米作为主食^[11]，因而增加稻米含硒量是全球认可的、最经济安全可靠的补硒方法^[12]。外源硒肥可以提高作物硒含量，外源硒肥主要有土壤施硒、拌种和叶面喷硒三种方式，土壤硒肥受土壤环境影响较大^[13]，富硒土壤生产农作物硒含量不一定达到富硒标准，拌种硒肥因为种子萌发的要求较高操作起来难度也较大，目前应用较多的是叶面硒肥。

广西西南地区属于亚热带季风气候，温度适宜，雨量和光照充足，水资源丰富，土壤天然硒资源丰富，种植区域土壤本地值硒含量为 0.42 mg/kg，属于富硒土壤^[14]，种植富硒水稻拥有得天独厚的气候条件。当地农户有种植水稻的传统，但是缺乏可用的富硒水稻种植技术，水稻种植经济效益低下。近年来，多位学者选用不同浓度和不同硒肥品种对不同生育期的水稻进行处理，研究水稻对硒的吸收、转运、积累和分配，探索水稻施用硒肥的最佳方法^[15-21]，但是实验对象多为单一的地方主要种植品种，针对桂西南地区的相关研究鲜有报道。本研究选取桂西南大量种植的 6 个品种水稻为研究对象，于水稻孕穗期时，通过叶面喷施外源硒肥，以探究外源硒肥对不同水稻品种株高、穗长、产量及糙米硒含量的影响，初步筛选株高、穗长优良、产量较高、富硒能力强的优质高产水稻品种，为当地栽培高产、优质、安全、绿色富硒水稻提供参考依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

供试水稻为桂西南地区主要种植的 6 个晚稻品种，详细信息见表 1。试验使用的氨基酸有机螯合硒肥由广西农业科学院资源与环境研究所提供，有机富硒含量 ≥ 2 g/L。

1.2 试验方法

试验所在地为广西崇左市江州区卜松村武冬屯。该区域年平均气温为 22.3℃，无霜期年平均 364 天，年平均日照时数 1634.4 小时，年平均降水量 1200 毫米，采用左江河自然灌溉，水源充足，生态环境良好。砂壤土质，耕层 23 ~ 30 cm，土壤主要养分含量为：全氮 1.6 g/kg、全磷 1.2 g/kg、全钾 12.4 g/kg、有机质 25.80 g/kg、全硒 0.42 mg/kg、有效硒含量 0.03 mg/kg（碳酸氢钠法），土壤 pH 值为 5.75。

表 1 供试品种信息

Table 1 Information of tested varieties

序号 SN	品种名称 Variety	品种类型 Type	育种单位 Organization	审定年份 Year
1	黄华占	籼型常规水稻	广东省农业科学院水稻研究所	2013 年陕审
2	耕香优荔丝苗	籼型三系杂交水稻	广东现代种业发展有限公司	2021 年粤审
3	野香优莉丝	籼型三系杂交水稻	广西绿海种业有限公司	2017 年桂审
4	野香优明月丝苗	籼型三系杂交水稻	广西绿海种业有限公司	2019 年桂审
5	中浙优 15 号	籼型三系杂交水稻	浙江勿忘农种业股份有限公司、中国水稻研究所	2020 年国审
6	昌两优馥香占	籼型两系杂交水稻	广西恒茂农业科技有限公司	2021 年桂审

注：表中信息来源国家水稻数据中心

试验采取列区设计两因素试验方法，其中主因素 A 为六个不同水稻品种，副因素 B 为喷硒（以 Se 计 12 g/hm^2 ）、CK 对照（叶面喷施清水），每个品种 2 个处理，3 个重复，每个试验小区 20m^2 。

浸种，待谷种破胸露白即可下田播种。采用半干湿润法早育稀植培育壮秧。大田里用种量约 10.5 kg/hm^2 ，秧田播种量约 105 kg/hm^2 。秧苗 4 叶时移栽，每公顷插栽 21-24 万株，插栽一定要浅插，株行距在 $20 \text{ cm} \times 25 \text{ cm}$ 左右。每公顷施尿素约 450 kg 、钙美磷肥约 300 kg 、硫酸钾约 225 kg 。基肥 70%，分蘖肥 25%，穗肥 5%。其它田间管理措施参照当地高产田块进行，各处理一致。

1.3 测定项目与方法

水稻成熟后，每个小区选 3 个代表性样点，样点面积为 1 m^2 ，每个样点连续抽取 10 穴长势均匀的水稻，测定其株高、有效穗数、穗长。每个样点再收割 3 穴长势均匀的水稻用于考种，考种后合在一起，晒干，存放 3 个月后，用小型砻谷机将稻谷加工成精米，用粉碎机磨成米粉，过 0.15 mm 筛，供品质分析用，所有指标在测定时每个样品进行 3 次重复。每处理实收计产量。

糙米硒含量测定：测定依据 GB 5009.93-2010 测定，即用 $\text{HNO}_3 + \text{HClO}_4$ 混酸于 170°C 下，采用电热板恒温消解。溶液中硒含量均采用氢化物发生-原子荧光光度法测定^[22]。

1.4 数据处理

用 Microsoft Excel 2016 软件对试验数据进行统计，使用 IBM SPSS 软件对水稻产量、糙米硒含量以及千粒重等相关性状数据进行方差分析和显著性分析。

2 结果与分析

2.1 外源喷施硒肥对不同水稻品种株高穗长及有效穗数的影响

由表 2 可知，CK 与喷硒对六个水稻品种的株高、穗长、每穴有效穗数均无显著影响。不同品种间株高相比，从平均值来看，前 3 个品种依次为野香优莉丝 99.2 cm 、耕香优荔丝苗 95 cm 和中浙优 15 号 94.7 cm ，其中野香优莉丝与其他品种存在显著差异。品种间穗长比较：昌两优馥香占 27.2 cm 、野香优明月丝苗 26.2 cm 和耕香优荔丝苗 25.9 cm 三个品种表现较好。品种间有效穗数比较：表现较好的前 3 个品种依次为昌两优馥香占、野香优莉丝和野香优明月丝苗，其每穴有效穗数均为 22 穗，各品种间差异不显著。说明叶面喷施硒肥对水稻的株高、穗长及有效穗数均无显著影响，可能是因为喷施硒肥时水稻已经处于孕穗期，前期的营养生长已基本完成的缘故。不同品种间相比，除了有效穗数，水稻的株高、穗长均存在显著差异，其中有效穗数是水稻产量的关键组成要素之一，以昌两优馥香占、野香优莉丝和野香优明月丝苗 3 个品种表现较好。

表 2 外源喷施硒肥对不同水稻品种株高穗长及有效穗数的影响

Table 2 Effects of exogenous selenium fertilizer on plant height, spike length and effective spike number of different rice varieties

品种 Variety	株高 (cm) Plant height			穗长 (cm) Spike length			每穴有效穗数 Effective panicle number		
	CK	处理 treatment	均值 Average	CK	处理 treatment	均值 Average	CK	处理 treatment	均值 Average
黄华占	79.0	84.7	81.8c	22.9	23.0	23.0d	16	18	17a
耕香优荔丝苗	97.7	92.3	95.0b	25.9	26.0	25.9abc	17	17	17a
野香优莉丝	98.3	100.0	99.2a	24.9	25.8	25.4bc	24	19	22a
野香优明月丝苗	93.7	94.0	93.8b	26.6	25.9	26.2ab	23	22	22a
中浙优 15 号	95.3	94.0	94.7b	24.1b	25.5	24.8c	18	17	18a
昌两优馥香占	83.0	84.7	83.8c	26.9	27.5	27.2a	21	22	22a
均值	91.2a	91.6a		25.2a	25.6a		19.8a	19.2a	

注: 表中同列数字 (不含最后一行) 后面不同小写字母代表品种间差异显著, 最后一行的字母为 CK 与喷硒处理之间差异显著, 均在 $P < 0.05$ 水平上进行比较, 以下同。

2.2 外源喷施硒肥对不同水稻品种籽粒数的影响

由表 3 可知, 与对照相比, 叶面喷施硒肥对总粒数、实粒数和结实率表现不一但均无显著影响。不同品种间相比, 总粒数、实粒数和结实率均存在显著差异。从总粒数来看, 中浙优 15 号 (202 粒)、耕香优荔丝苗 (177 粒) 和野香优明月丝苗 (165 粒) 表现较好。实粒数方面, 表现较好的前 3 个品种依次为中浙优 15 号 (155 粒)、昌两优馥香占 (134 粒) 和耕香优荔丝苗 (132 粒)。总粒数和实粒数中浙优 15 号与表现较好其他品种均存在显著差异。结实率方面, 黄华占 (84%)、昌两优馥香占 (83%) 和野香优莉丝 (82%) 三个品种表现较好。其中黄华占除了与中浙优 15 号和耕香优荔丝苗存在显著差异, 与其余品种均无显著差异, 昌两优馥香占和野香优莉丝只与耕香优荔丝苗存在显著差异。表明喷施硒肥对水稻籽粒方面的表现影响不大, 但不同水稻品种间存在显著差异, 其中实粒数是水稻产量的关键组成要素之一, 以中浙优 15 号、昌两优馥香占和耕香优荔丝苗 3 个品种表现较好。

表 3 外源硒肥对不同水稻品种籽粒数方面的影响

Table 3 Effects of exogenous selenium fertilizer on grain number of different rice varieties

品种 Variety	总粒数			实粒数			结实率 (%)		
	CK	处理 treatment	均值 Average	CK	处理 treatment	均值 Average	CK	处理 treatment	均值 Average
黄华占	145	137	141d	122	114	118c	84	83	84a
耕香优荔丝苗	176	178	177b	136	127	132b	78	72	75c
野香优莉丝	157	155	156cd	129	127	128b	82	82	82ab
野香优明月丝苗	163	168	165bc	126	131	129b	77	78	78abc
中浙优 15 号	198	207	202a	154	155	155a	79	75	77bc
昌两优馥香占	158	164	160bc	129	137	134b	82	84	83ab
均值	166a	168a		133a	132a		80a	79a	

2.3 外源喷施硒肥对不同水稻品种千粒重的影响

由表 4 可知, 喷施硒肥对水稻千粒重差异不显著, 但除了野香优莉丝与黄华占品种, 其余四种喷施硒肥处理的千粒重均在一定程度上高于不喷施硒肥的对照组, 其中耕香优莉丝苗、昌两优馥香占以

及野香优明月丝苗的增长幅度较高,分别为 3.54%、2.14%和 1.06%。不同品种间相比,不论是 CK 之间还是喷硒处理之间,各品种间千粒重均存在显著差异,从各品种千粒重的平均值来看,其中中浙优 15 号、昌两优馥香占以及耕香优莉丝苗 3 个品种的千粒重较高,分别为 26.8g、23.15g 和 20.41g。喷施硒肥对水稻千粒重有一定程度提升但差异不显著,不同水稻品种间千粒重存在显著差异,其中表现较好的是中浙优 15 号、昌两优馥香占以及耕香优莉丝苗 3 个品种。

表 4 外源硒肥对不同水稻品种千粒重的影响

Table 4 Effects of exogenous selenium fertilizer on 1000 grain weight of different rice varieties

品种 Variety	千粒重 (g) Thousand grain weight			
	CK	处理 Treatment	较 CK (±%) Compared with CK	均值 Average
黄华占	19.15	18.73	-2.19	18.94e
耕香优莉丝苗	20.06	20.77	3.54	20.41c
野香优莉丝	20.15	19.97	-0.89	20.06d
野香优明月丝苗	17.99	18.18	1.06	18.08f
中浙优 15 号	26.78	26.82	0.15	26.80a
昌两优馥香占	22.90	23.39	2.14	23.15b
均值	21.17a	21.31a		

2.4 外源喷施硒肥对不同水稻品种产量的影响

由表 5 可知,与对照相比,喷施硒肥处理对水稻小区产量表现不一,影响幅度在-3.36%至 4.48%之间,其中昌两优馥香占、耕香优莉丝苗和野香优明月丝苗增长幅度较高,分别为 4.48%、2.75%和 2.70%,黄华占和野香优莉丝的降低幅度分别为-3.36%和-3.60%,但达不到显著差异。

不同品种间相比,产量存在显著差异,其中表现较好的前 3 个品种依次为昌两优馥香占、中浙优 15 号和野香优明月丝苗,分别为: 8.67 t/hm²、7.77 t/hm²和 7.15 t/hm²。昌两优馥香占和中浙优 15 号与其余品种均存在显著差异,野香优明月丝苗除了与黄华占和耕香优莉丝苗差异不显著,与其余品种均存在显著差异。

综上所述,与对照相比,喷施硒肥对水稻产量无显著差异,说明喷施硒肥对水稻产量影响不大。不同品种间相比,水稻产量表现不一,具有显著差异,其中表现较好的是昌两优馥香占、中浙优 15 号以及野香优明月丝苗 3 个品种。

表 5 外源硒肥对不同水稻品种产量的影响

Table 5 Effects of exogenous selenium fertilizer on yield of different rice varieties

品种 Variety	产量 (t/hm ²) Yield			
	CK	处理 Treatment	较 CK (±%) Compared with CK	均值 Average
黄华占	7.15	6.91	-3.36	7.03cd
耕香优莉丝苗	6.91	7.1	2.75	7.00cd
野香优莉丝	6.67	6.43	-3.60	6.55d
野香优明月丝苗	7.05	7.24	2.70	7.15c
中浙优 15 号	7.67	7.86	2.48	7.77b
昌两优馥香占	8.48	8.86	4.48	8.67a
均值	7.32a	7.40a		

2.5 外源喷施硒肥对不同水稻品种糙米硒含量的影响

由表 6 可知, 与对照相比, 喷施硒肥处理对水稻糙米硒含量具有显著差异, 经过喷施处理的各水稻品种相较于对照组均有不同程度的增长, 增长量在 0.191-0.289 mg/kg 之间, 其中增长量较高的前 3 个品种依次为野香优莉丝、中浙优 15 号以及野香优明月丝苗, 分别为 0.289 mg/kg、0.270 mg/kg 和 0.269 mg/kg。增长量最低的是黄华占, 其硒含量为 0.210 mg/kg。广西壮族自治区富硒农产品中水稻的硒含量标准为 0.15-0.5 mg/kg^[23], 因此, 参试的 6 个水稻品种均达广西富硒水稻籽粒标准。由此可见经过叶面喷施硒肥处理的的水稻, 其糙米中硒含量显著增加。

不同的品种之间硒含量又存在明显区别, 从喷施处理看, 硒含量较高的前 3 个品种依次为野香优莉丝、中浙优 15 号以及野香优明月丝苗, 分别为 0.311、0.303、0.286 mg/kg, 其中野香优莉丝和中浙优 15 号之间虽无显著差异, 但均与其余品种存在显著差异, 野香优明月丝苗和昌两优馥香占无显著差异, 与其他品种均存在显著差异。这也说明了不同的基因型水稻对硒的吸收富集能力具有明显差异。

综上所述, 于水稻孕穗期进行叶面喷施硒肥处理, 能明显提升糙米中的硒含量, 且不同水稻品种富硒能力存在显著差异, 各品种硒含量均在广西富硒水稻籽粒标准之间。其中野香优莉丝、中浙优 15 号以及野香优明月丝苗 3 个品种富硒能力较强。

表 6 外源硒肥对不同水稻品种糙米硒含量的影响
Table 6 Effects of exogenous selenium fertilizer on selenium content in brown rice of different rice varieties

品种 Variety	硒含量 (mg/kg) Selenium content			
	CK	处理 Treatment	较 CK (±%) Compared with CK	均值 Average
黄华占	0.019	0.210	0.191	0.115d
耕香优荔丝苗	0.020	0.252	0.233	0.136c
野香优莉丝	0.022	0.311	0.289	0.167a
野香优明月丝苗	0.017	0.286	0.269	0.151b
中浙优 15 号	0.033	0.303	0.270	0.168a
昌两优馥香占	0.026	0.281	0.255	0.153b
均值	0.023b	0.274a		

3 结论与讨论

叶面喷施硒肥对水稻株高、穗长及产量无显著差异。从种植品种来看, 中浙优 15 号表现较好, 但叶面喷施硒肥对水稻糙米硒含量具有显著影响且不同品种对硒的富集能力存在显著差异, 其中野香优莉丝、中浙优 15 号以及野香优明月丝苗 3 个品种富硒能力较强。6 个参试水稻品种中昌两优馥香占和中浙优 15 号在株高、穗长和产量上的表现较佳且富硒能力较强, 本研究表明, 于水稻孕穗期进行叶面喷施硒肥处理对水稻株高、穗长和产量均无显著影响, 表明外源硒肥不是水稻产量主要的限制因子, 这与陈雪^[17]等人的结论一致。通过叶面喷施硒肥可显著提高水稻糙米中的硒含量, 且不同品种对硒的富集能力也存在显著差异。这也许与不同品种的水稻从叶组织经由韧皮部向发育的籽粒转运能力和籽粒吸收并转化硒能力的不同息息相关^[24]。

从应用价值上看, 本研究中, 经氨基酸有机硒处理的 6 个水稻品种, 其糙米硒含量均符合广西富硒水稻标准。与无机硒相比, 生物有机硒具有生物有效性高、无毒副作用、稳定性强和作物吸收率高等优点^[25], 为提升桂西南地区水稻的营养价值和经济价值, 在区域推广昌两优馥香占和中浙优 15 号两个水稻品种的富硒稻米生产技术具备可行性。

参考文献:

- [1] 张现伟, 杨莉, 张涛, 等. 水稻子粒硒含量的遗传及 QTL 检测[J]. 植物遗传资源学报, 2010, 11(4): 445-450.
- [2] Rayman MP. Selenium and human health. *Lancet*, 2012, 379: 1256-1268
- [3] 杨忠芳, 汤奇峰, 成杭新, 等. 爱恨交织的化学元素[M]. 北京: 地质出版社, 2020. 179-182.
- [4] 段亮亮. 硒的生理功能和富硒保健食品开发[J]. 现代食品, 2018(01): 42-45.
- [5] Marina dos Santos, Yuri Veneziani, Ana Luíza Muccillo-Baisch, et al. Global survey of urinary selenium in children: A systematic review[J]. *Journal of Trace Elements in Medicine and Biology*, 2019, 56(C): 1-5.
- [6] 管文文, 戴其根, 张洪程, 等. 硒肥对水稻生长及其重金属累积的影响[J]. 土壤, 2018, 50(06): 1165-1169.
- [7] 李韬, 兰国防. 植物硒代谢机理及其以小麦为载体进行补硒的策略[J]. 麦类作物学报, 2012, 32(1): 173-177.
- [8] 金书秦, 张惠, 吴娜伟. 2016 年化肥、农药零增长行动实施结果评估[J]. 环境保护, 2018(1): 45-49.
- [9] 戴志华. 水稻对硒的吸收转化及调控机理研究[D]. 广州: 华中农业大学, 2020.
- [10] Marschall TA, Bornhorst J, Kuehnelt D, Schwerdtle T. Differing cytotoxicity and bioavailability of selenite, methylselenocysteine, selenomethionine, selenosugar 1 and trimethylselenonium ion and their underlying metabolic transformations in human cells[J]. *Mol Nutr Food Res*, 2016, 60: 2622-2632.
- [11] Tang D, Cheng Z. From basic research to molecular breeding - Chinese scientists play a central role in boosting world rice production[J]. *Genom Proteom Bioinf*, 2019, 16: 389-392
- [12] 管恩相, 姜守全, 谭旭生, 等. 喷施硒肥对水稻产量及稻米含硒量的影响[J]. 中国种业, 2012, (5): 43-45.
- [13] SCHIAVON M, PILON-SMITS E A H. The fascinating facets of plant selenium accumulation - biochemistry, physiology, evolution and ecology [J]. *The New phytologist*, 2017, 213(4): 1582-1596.
- [14] 王惠艳, 曾道明, 郭志娟, 等. 天然富硒土地划定的富硒阈值[J]. 环境科学, 2021, 42(01): 333-342.
- [15] 张城铭, 周鑫斌. 不同施硒方式对水稻硒利用效率的影响 [J]. 土壤学报, 2018.
- [16] 黄太庆, 江泽普, 邢颖, 廖青, 梁潘霞, 刘永贤, 潘丽萍, 陈锦平. 亚硒酸钠不同施用方法对水稻硒富集及转化的影响[J]. 西南农业学报, 2021, 34(02): 311-319.
- [17] 唐红琴, 李忠义, 韦彩会, 黄太庆, 董文斌, 何铁光, 俞月凤, 张琬茹, 汤海玲, 蒙炎成. 紫云英不同还田量下土壤硒释放特征及水稻富硒规律[J]. 西南农业学报, 2020, 33(03): 568-574.
- [18] 匡恩俊. 叶面喷硒对不同作物籽粒硒含量及产量的影响 [J]. 中国土壤与肥料, 2018, 4: 133-136.
- [19] 陈雪, 沈方科, 张增裕, 等. 硒肥和土壤类型对水稻硒吸收的影响 [J]. 西南农业学报, 2017, 30(9): 2010-2016.
- [20] 陈雪, 沈方科, 梁欢婷, 等. 外源施硒措施对水稻产量品质及植株硒分布的影响[J]. 南方农业学报, 2017, 46-50.
- [21] 郭天宇, 徐宁彤, 曲琪环. 叶面喷施不同硒肥对水稻含硒量及产量的影响 [J]. 江苏农业科学, 2017, 45(7): 59-61.
- [22] JIANG Y, ZH Z, BU Y, et al. Effects of selenium fertilizer on grain yield, Se uptake & distribution in common buckwheat (*Fagopyrum esculentum* Moench) [J]. *Plant, Soil and Environment*, 2016, 61(8): 371-377.
- [23] DB 45/T 1061-2014, 富硒农产品硒含量分类要求[S]. 广西: 广西壮族自治区质量技术监督局, 2014.
- [24] 张标金, 史华新, 陈庆隆, 等. 一种富硒水稻品种的筛选方法[P]. 江西省: CN108739366B, 2020-10-16.
- [25] 余侃, 肖秋水, 黄思思, 等. 生物有机硒对不同水稻品种主要性状、重金属含量及硒吸收的影响[J]. 南方农业学报, 2021, 52(05): 1206-1214.

农作物重要农业性状表型鉴定无损检测方法

Non-invasive detective technology on phenotype identification of important agricultural traits of crops

李启贇^{1*}, 吴秋妃¹, 刘卉昕²

(¹ 中国热带农业科学院椰子研究所, 海南文昌, 571339;

² 云南农业大学热带作物学院, 云南普洱, 665000)

随着现代化农业的发展, 农作物的种植与生产进入表型性状精准鉴定评价等级阶段。非侵入性检测技术弥补了早期传统检测的不足。目前, 无损检测主要以光谱技术为主, 分为可见/近红外光谱、高光谱成像、热成像、核磁共振、拉曼光谱、X 射线、激光多普勒测振、太赫兹光谱等, 可对作物的营养成分、理化性质及农药残留及成熟度等进行有效监测。例如, 核磁共振用于椰子、油棕的结构扫描, 促进了精准分选及产量相关性状解析。同时, 电子鼻、声特征、介电特性、机器视觉学习等技术在作物的重要农业性状检测中也得以应用: 其中, 机器视觉学习已应用于田间作物的实时生长监测, 这将加速农业生产的绿色高效转型升级。然而, 目前对于单个作物的局部监测精度仍存在较大误差, 亟待加强作物表型与重要农业性状相关生理等指标进行建模拟合, 以提升无损检测精确度。综上, 无损检测方法在农业的应用具有高效、绿色、安全、减损的特性, 是推动农业产业链提质增效、转型升级的重要技术。

关键词: 无损检测; 表型鉴定; 农作物; 精准评价; 品质分选

广东农垦剑麻产业发展历程、瓶颈与建议

毛丽君^{1,3} 张曼其^{1,2,3} 郭继阳^{1,3}

1 农业农村部剑麻及制品质量监督检验测试中心, 广东湛江 524022

2 广东省湛江农垦科学研究所, 广东湛江 524022

3 广东农垦热带农业研究院剑麻研究所, 广东遂溪 524338

摘要 本文综述了广东农垦剑麻产业在农业生产、加工、经营模式、科技发展等方面发展历程, 分析了垦区剑麻产业发展面临的瓶颈问题, 并对促进广东农垦剑麻产业持续性发展提出了相关建议, 为垦区剑麻产业出台相关扶持措施提供理论依据。

关键词 广东农垦 剑麻 历程 瓶颈 建议

Sisal Industry Development History、Bottlenecks and Suggestions for Guangdong Reclamation

Mao Lijun^{1,3} ZHANG Manqi^{1,2,3} Guo Jiyang^{1,3}

1 Sisal and Product Quality Supervision, Inspection and Testing Center of the Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Guangdong Zhanjiang, 524022

2 Guangdong Zhanjiang Agricultural Reclamation Science Research Institute, Guangdong Zhanjiang

3 Sisal Research Institute of Guangdong Agricultural Reclamation Research Institute, Guangdong Suixi, 524338

Abstract This paper summarizes the sisal industry in the Guangdong Reclamation sisal industry in agricultural production, processing, business model, science and technology development and other aspects of the development process. Analyzed the sisal industry in the reclamation area of the difficulties that exist in the development of sisal industry. Proposed to promote the sustainable development of sisal industry in Guangdong Reclamation related recommendations. Sisal industry for the reclamation area to introduce relevant support measures to provide a theoretical basis.

Keywords Guangdong Agricultural Reclamation; sisal; history; bottleneck; suggestions

剑麻又称龙舌兰麻^[1], 是世界热带地区的重要麻类经济作物, 其组织内所含的剑麻纤维是被广泛用于农业、重工业、军工、国防等领域。剑麻纤维年产量占世界植物纤维总产量的 2%^[2], 占世界硬质纤维总产量的 2/3, 因其特有的耐酸、耐碱、耐腐蚀特性在硬质纤维中具有不可取代性^[3]。我国剑麻主要产区有广西、广东、海南。广东农垦是广东省剑麻主产区, 其剑麻种植始于上世纪 50 年代并在 1963~1964 年从东非引进剑麻良种 H.11648 (东 1 号) 麻试种^[4]。广东农垦发展剑麻产业历史长达 60 多年, 在剑麻产业各个环节均有丰富的发展经历, 已建立了集剑麻种植、加工、贸易产业链条齐全的剑麻优势产区, 形成了剑麻纤维到剑麻废渣、废水的循环经济产业链, 为当地经济发展做出了重要贡献^[5]。到目前为止, 广东农垦的剑麻产业化程度处于行业领先地位, 相关产品销往国内 26 个省市, 远销美、英、日等 30 多个国家和地区^[6]。广东农垦剑麻产业在长达 60 多年的发展历程中取得了良好成效, 也形成了一些瓶颈制约因素, 需要加以破解或理顺, 以推进产业又好又快发展。

资助项目 国家麻类产业技术体系湛江剑麻试验站站长经费 (CARS-16-S13)。

作者简介 毛丽君 (1984-), 男, 高级农艺师; 研究方向: 热带作物高产栽培技术与推广。通讯作者 (Corresponding author): 张曼其 (Zhang Manqi), E-mail: jmzx138@126.com。

1 广东农垦剑麻产业发展历程

1.1 广东农垦剑麻农业发展历程

广东农垦从 1954 年引进种植剑麻，是我国最早种植剑麻的企业，至今已有 60 多年历史。初期以番麻为主，产量低，一般每亩产 4050 公斤。后改种普通剑麻，每亩产纤维 2.25 万公斤^[5]。1963 年，

垦区东方红农场从东非引进了 22 株 H11648 麻优良品种，经过技术人员精心培育繁殖，培育出新品种“东方红 1 号”，并研究出“钻心快速繁殖法”，使按常规要 30 年时间才能扩大到 1000 万株的剑麻在短短几年时间完成^[7]。1980 年在粤西垦区发展到 2361 万株，还推广到海南、广西、福建、浙江、云南、四川等省区的 60 多个国营农场和广大农村种植，推动了我国剑麻事业迅速发展^[5]。1989~2010 年，广东农垦湛江垦区剑麻种植面积基本稳定在 7 万亩~9 万亩^[5]。2010 年以后，由于受到蚱灾、水灾和病灾等“三灾”的危害，加之剑麻纤维价格低迷，种植面积急剧下滑，2015 年达到最低点，年末种植面积只有 2.4 万亩^[5]。2016 年开始，垦区通过建立预警监测与防控体系，实施化学防治、农业防治与生物防治相结合的综合措施，针对蚱灾、水灾和病灾取得了较好的防控效果^[5]。2018 年后，在广东省（剑麻）现代农业产业园、国家（剑麻）现代农业产业园等大项目的支持下，垦区剑麻种植面积逐步恢复，2022 年底垦区剑麻总面积达到 4.6 万亩。在产量方面，1989~2010 年，广东农垦下属湛江垦区剑麻叶片总产量，由 20400 吨上升为 329067 吨，其中 2001 年达到最高产量，为 390083 吨，产量的增加主要是由于剑麻收获面积的增加^[5]。2011 年-2017 年湛江垦区剑麻叶片产量逐年下降，由 303806 吨下降至 564546 吨，其主要原因是受剑麻紫色卷叶病为害，收获面积严重下降^[5]。2022 年底，湛江垦区剑麻叶片总产量为 136184 吨，为 2001 年高峰期的 34.91%。

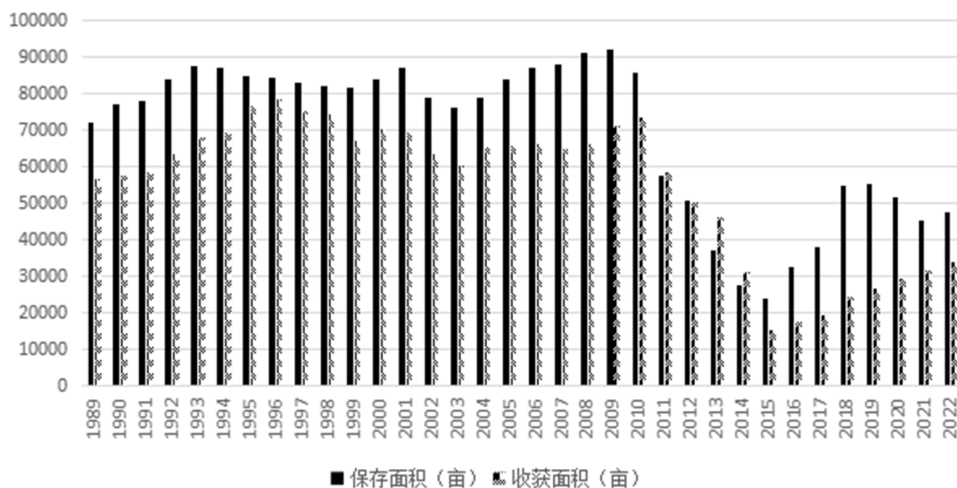


图 1 1989~2022 年广东农垦湛江垦区剑麻种植及收获面积

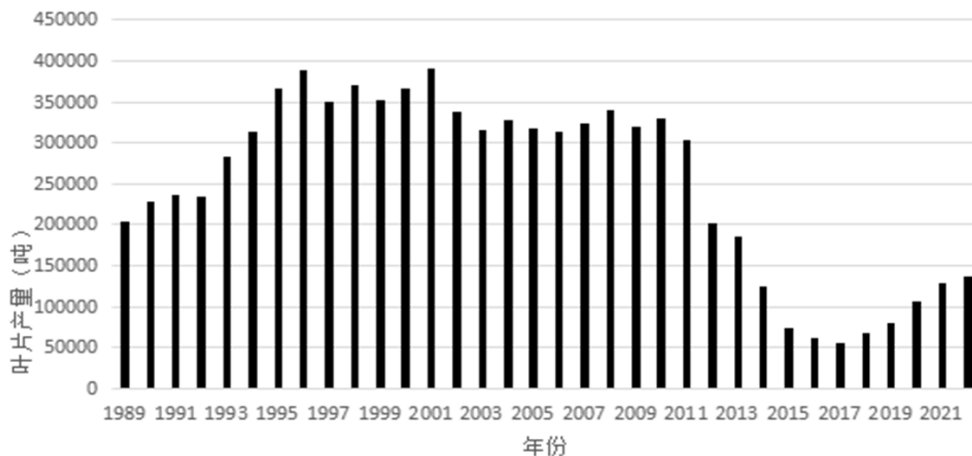


图 2 1989~2022 年广东农垦湛江垦区剑麻叶片产量统计表

1.2 广东农垦剑麻加工业发展历程

广东农垦剑麻加工工业始建于 20 世纪 50 年代中期。1957 年，东方红农场建立了第一座剑麻纤维加工厂，1958 年又建立了剑麻制绳厂，实现了剑麻种植、加工一体化^[5]。后来，随着剑麻种植业的扩大，垦区各剑麻种植单位又兴建了一批剑麻初加工和剑麻制品企业^[5]。1979 年，广东农垦拥有剑麻纤维厂 20 个，日处理剑麻叶片能力为 1382.5 吨；麻绳厂 7 个，日加工纤维能力为 30.5 吨；产品以剑麻纤维和白棕绳为主^[5]。1979~1982 年，东方红农场率先开发出剑麻门口垫、墙纸网、剑麻制洗澡带、麻手套、麻遮阳帽等产品^[5]。1986~1989 年，广东农垦先后引进剑麻地毯生产线、剑麻针刺絮垫生产线，进行了一系列的技改配套和引进技术的消化、吸收、推广，开发出剑麻地毯、絮垫、抛光轮、高支纱、皂素等新产品，使剑麻纺织的工艺技术和装备达到当时国内最高水平^[5]。1989 年，火炬农场投资 400 万元的剑麻皂素厂建成投产，设计能力为年产剑麻皂素 20 吨，产品以出口为主^[5]。1990 年以后，垦区剑麻工业企业通过进一步进行技改和重组，引进大型加工设备，向现代化、规模化、集团化的方向发展^[5]。2000 年，垦区剑麻加工纺织企业达到 17 个，主要产品产量为：剑麻纤维 17873 吨，比 1979 年 8256 吨增长 116.5%；白棕绳 4094 吨，比 1979 年 7692 吨下降 46.8%；剑麻地毯 36.2 万平方米；剑麻絮垫 16 万平方米；工业总产值 13052 万元；出口商品总金额 3280 万元，成为垦区出口创汇的一个重要行业^[5]。2001~2011 年，垦区剑麻纤维产量稳定在 12000~19000 吨之间，制品仍然以白棕绳为主，约占 90% 份额，剑麻地毯、抛光轮、剑麻絮垫约占 10%^[5]。此后，2012-2017 年，剑麻纤维呈逐渐降低态势，2017 年产量达到最低，仅有 2278 吨。2018 年后，在广东省、国家产业园带动下，剑麻纤维产量又逐年提升，2022 年底纤维产量恢复至 5400 吨，产量不足高峰期的 30%。

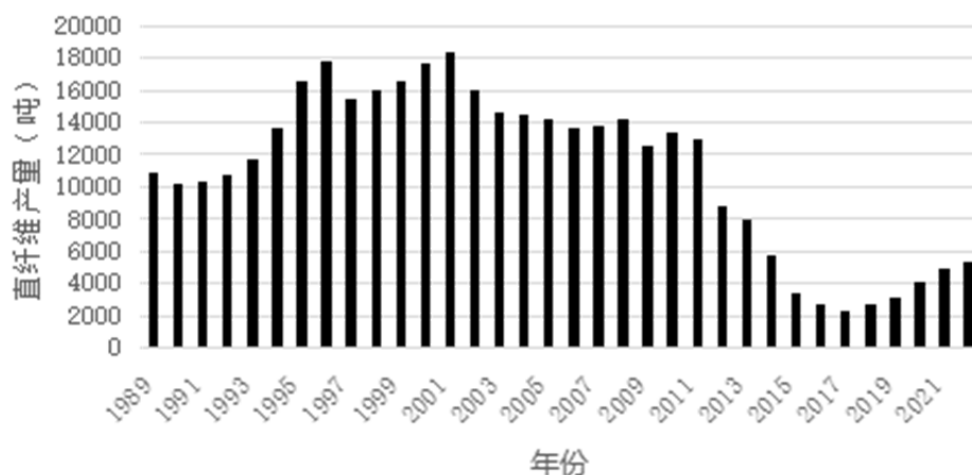


图 3 1989~2022 年广东农垦湛江垦区剑麻直纤维产量统计表

1.3 广东农垦剑麻产业经营模式变革历程

广东农垦剑麻生产经营产业化、集团化程度较高。80 年代以前，垦区的剑麻种植主要分布在广东省东方红、金星、火炬、五一、幸福、鸡山、红十月等农场，各农场分别建立了剑麻纤维和剑麻制品加工厂，剑麻制品以白棕绳为主，产品统一运至粤西农垦供销总公司储运仓库保管，由各农场组织人员推销发运，产品自产自销^[5]。但由于产品滞销，农垦内部农场与农场之间出现降价竞销，1986 年，为进一步搞活流通，解决剑麻产品多头销售，内部纷争的局面，加强横向联合，由粤西农垦供销总公司、垦区剑麻农场以及海南红泉农场，广东省岗美华侨林场联合组建了剑麻产品联销体—粤西农垦剑麻联营公司^[5]。由联营公司统一销售各单位的剑麻产品，实行利益分沾、风险共担，利润返还^[5]。1992 年，在联营公司的基础上成立湛江东方剑麻集团公司，实行产加销一条龙经营^[5]。1997 年，为使剑麻产业向高层次发展，形成多种功能综合性大集团，经广东省农垦总局和湛江市人民政府批准，将湛江

东方剑麻集团公司、东方红农场、金星农场和湛江农垦第二机械厂合并，组成广东省东方剑麻集团有限公司，由松散型的集团转变为紧密型的集团^[5]。2010年9月，广东省东方剑麻集团有限公司向湛江农垦局提出改制建议，由集团公司及自然人等发起，以广东省东方剑麻集团有限公司现有的工业生产设备厂房、土地使用权，即是下属10座剑麻纤维加工厂和7座剑麻制品厂作为出资资本，其他股东以资金出资成立剑麻股份有限公司^[5]。2011年12月9日广东省农垦总局批复同意发起组建“广东农垦东方剑麻股份有限公司”，由集团型企业转变为股份制企业^[5]。

1.4 广东农垦剑麻产业科技发展历程

垦区剑麻产业科技发展是伴随剑麻产业发展全过程。1965年5月通过华侨引进第三批 H.11648 剑麻品种进行试种，此后该品种发展成为当家种^[8]。东方红 1956 农场很早就建立了科研机构，并不断完善。1956 年成立东方红农科所试验组，负责垦区剑麻科学试验与技术研究所。1960 年试验组改为广东省湛江农垦局剑麻试验站试验站。1975 年试验站改为东方红农场剑麻研究所。1977 年剑麻研究所改为农业研究所，2011 年东方红农业研究所改为东方红农科所。1991 年国家农业部在广东垦区成立农业农村部剑麻及制品质量监督检验测试中心，负责剑麻及制品行业质量规范。1994 年成立了广东省湛江农垦科学研究所，负责剑麻科研与试验工作。2008 年农业农村部（湛江）剑麻种质资源落户于广东省湛江农垦科学研究所^[9]。2010 年，国家麻类产业技术体系在垦区设立剑麻试验站，负责湛江区域的科技研发与服务工作。垦区科技机构设立以来，先后承担剑麻产业国家级、省部级科研项目 40 多项，《H 11648 麻引进试种、技术改造和示范推广》等 3 项科研成果获得国家级科技奖励，《剑麻田更新配套机械的研制与应用》等 10 余项科技成果获得省部级科技奖励，获国家专利授权 20 余个，制定国家标准 3 项，农业行业标准 22 项。

2 广东农垦剑麻产业发展面临的瓶颈

2.1 剑麻品种单一，病虫害易发多发

当家品种东 1 号（别名 H.11648）已经种植 60 多年，已出现严重早衰退化现象，叶片产量较低，新菠萝灰粉蚧较易爆发，剑麻紫色卷叶病虽然在选用抗性苗后发病情况有所降低，但仍然存在较大为害风险，剑麻斑马纹病和茎腐病也常有发生，近些年不正常淘汰麻多与病害有关，植麻职工或单位收不抵支，严重影响了剑麻农业效益和种麻的积极性。

2.2 劳力紧张，成本高企

剑麻种植、收割等关键环节均靠人力完成，劳力投入占剑麻农业生产成本 80%左右。随着我国农业从业工人的不断退出或老龄化，剑麻农业劳力日趋紧张，劳动力成本急剧攀升，剑麻生产用工难且成本高成为当前急需解决的重要问题。

2.3 纤维提取工艺有待改进

剑麻纤维提取环节中装卸麻、排麻、烘麻等工序自动化、智能化改造尚未取得突破，纤维提取效能低，成本高。

2.4 剑麻产品研发不足

剑麻产品主要集中在剑麻绳、剑麻布、剑麻纱、剑麻地毯等比较传统产品，近十年未有新产品、高附加值产品出现，且部分产品逐步被化纤及其他麻类替代。

3 促进广东农垦剑麻产业可持续发展的建议

3.1 提高站位，突出抓好剑麻生产经营

一是进一步提高政治认识。垦区各级干部要站在广东农垦是农垦中“国家队”这个层面，提高站位，尊重历史，正确科学审视剑麻产业在保障国家战略物资供给安全和广东农垦改革发展中所发挥突出作用。努力改革现有考核机制，理顺剑麻发展中工、农业矛盾，加快构建合理工、农业双方利益分

配机制，化解剑麻经营中的不利要素，为剑麻高效高质经营创造良好条件；二是积极优化产业结构。与行业标杆企业建立紧密合作，采用“前厂后店”等合作模式，推进高品质剑麻产品的研发和生产力度，提高产品附加值，提升产业经济效益；三是要创新经营思路。及时收集产业市场发展信息，快速优化调整产品结构，加快与现代化营销网络平台对接，推动产品“触网”发展。

3.2 积极争取政策及资金支持

一是积极与农业农村部等国家有关部委沟通，争取将剑麻纳入政策性农业保险支持范围，建立剑麻农业灾害损失兜底赔付机制；二是争取将剑麻列入经济林品种或给予经济林品种支持政策，在解决剑麻种植用地性质难题的同时，获取更多的林业资金支持；三是进一步争取各级财政涉农性资金支持，强化垦区剑麻产业主产业地位。

3.3 加大科研投入，提升产业发展动能

建立科研成果与产业效益合理分配机制，引导垦区内外科研机构加大对剑麻科学研究投入。充分发挥垦区农业农村部（湛江）剑麻种质资源圃资源优势，与外界机构联合开展剑麻选育种，并广泛开展试种与示范。深入总结垦区剑麻抗病原种苗培育经验，进一步加强高抗病原种圃的筛选技术研究。本着省工节本的原则，与科研机构采取“分段递进式”方式推进割麻机具、纤维提取工艺的研发。

3.4 加强科技人才队伍建设，为产业发展提供智力支持

一是积极发挥现有专业技术人才特长，确保人尽其才，好钢用到刀刃上；二是积极引进产业所需的技术人才，落实好人才引进各项政策，抓好科技人才“传帮带”工作，发挥好人才专业技术特长，鼓励开展产业所需的科技创新活动，努力为产业的持续发展提供强有力的智力支持。

参考文献

- [1] 裴超群,陶玉兰,李海连.龙舌兰科植物资源调查报告[J].广西热作科技,1997(01):15-21
- [2]胡盛红,郑金龙等.2013年中国剑麻产业形势分析及发展趋势.热带农业科学.2014,34(12):111-117
- [3]方佳,张惠坚.国内外热带作物产业发展分析[M].中国农业科学技术出版社,2010,7
- [4] 陈叶海,蔡泽祺.中国剑麻发展概况与展望[J].中国热带农业,2005(3):19-21
- [5]湛江农垦志编纂委员会.《湛江农垦志》.广东人民出版社,2020
- [6] 洪向平.广东垦区剑麻产业发展现状及对策.热带农业工程,2010(05):56-58
- [7]国营东方红农场,华南热作研究院热作所.龙舌兰麻杂种第11648号(H.11648)的引种栽培及其经济效益的研究.中国麻作.1986(01)
- [8]广东省国营东方红农场,华南热带作物科学研究院热作所纤维组.龙舌兰麻杂种11648号引种试种的技术改进及推广效益.热带作物研究.1985(04)
- [9]陈叶海、陈士伟、黄香武.剑麻产业与技术发展路线图[M].中国科学技术出版社,2023.5

50 份芒果材料对细菌性黑斑病和坏死病的抗性评价

刘彦青^{1,2**}, 孙秋玲¹, 陈小林¹, 黄穗萍¹, 唐利华¹, 郭堂勋¹, 李其利^{1***}

(¹ 广西农业科学院植物保护研究所, 南宁 530007; ² 长江大学, 荆州 434025)

摘要: 细菌性黑斑病和坏死病严重影响芒果的产量和品质, 抗病品种选育是防治芒果病害最经济有效的方法。为挖掘芒果细菌性黑斑病和坏死病抗性材料, 本研究采用活体叶片压渗接种法, 对 50 份芒果材料对细菌性黑斑病和坏死病两种病害的抗性水平进行评价。结果表明, 接种的 50 份芒果材料叶片的细菌性黑斑病发病率均为 100%, 病情指数在 43.7~60 之间, 根据病情指数及品种抗感分级标准进行综合评价, 所有供试材料中, 未见抗病和免疫品种, 缅甸球芒表现为中抗, 其余 49 份材料均表现为感病。其中, 台农 1 号芒、桂七芒、金煌芒、贵妃芒、红象牙芒、桂热芒 10 号、热农 1 号芒、新世纪芒等地方主栽品种均表现为感病。接种的 50 份芒果材料叶片的细菌性坏死病发病率均为 100%, 病情指数在 28.89~52.59 之间, 根据各个材料的病情指数及其抗病分级标准进行综合评价, 所有供试材料中, 未发现免疫材料, 76 号芒和白象牙芒表现为抗病, 新世纪芒、龙井芒等 34 份材料表现为中抗, 28 号芒、金百花芒等 14 份材料表现为感病。其中, 地方主栽品种台农 1 号芒、桂七芒、贵妃芒、红象牙芒和新世纪芒对细菌性坏死病表现为中抗, 而金煌芒、桂热芒 10 号和热农 1 号芒则表现为感病。

关键词: 芒果材料; 细菌性黑斑病; 细菌性坏死病; 抗病性

基金项目: 广西自然科学基金 (2022GXNSFAA035438)

通讯作者: 李其利, 研究员, 主要研究方向为果树病害及其防治; E-mail: 65615384@qq.com

第一作者: 刘彦青, 在读硕士研究生, 专业为生物学; E-mail: 3102002866@qq.com

Transcriptome profiling reveals the ubiquitination pathway response to Banana bunchy top virus infection

Ji Lan^{1,2}, Muhammad Zeeshan Hyder³, Tao Chen¹, Nai-tong Yu^{1,4*}

¹ Institute of Tropical Bioscience and Biotechnology, Chinese Academy of Tropical Agricultural Sciences, Haikou 571101, China.

² College of Plant Science & Technology, Huazhong Agricultural University, Wuhan 430070, China.

³ Department of Biosciences, COMSATS University Islamabad, Islamabad 22060, Pakistan.

⁴ Hainan Key Laboratory of Tropical Microbe Resources, Haikou 571101, China.

Abstract: Banana bunchy top virus (BBTV) infection causes severe bunching and dwarfing symptoms in banana plants, however, the pathogenesis is unclear. In this study, 147 significantly differentially expressed genes (DEGs) were observed by transcriptome analysis of healthy banana leaves compared with BBTV infected banana leaves, with at least 17 DEGs related to ubiquitination. Real-time quantitative PCR (RT-qPCR) of selected nine DEGs confirmed their transcriptional levels displayed broad agreement to the transcriptome data. Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes (KEGG) enrichment analysis showed significant annotations associated with protein ubiquitination genes in protein processing in endoplasmic reticulum pathway and ubiquitin mediated proteolysis pathway. Transient expression of BBTV proteins in banana plants showed that the only BBTV DNA-N component expressing nuclear shuttle protein (NSP) significantly up-regulated *RING-H2 finger protein ATL53 (RING-H2)*, *heat shock protein 18 (HSP18)*, *heat shock protein 22 (HSP22)*, *heat shock protein 70 (HSP70)*, *E3 ubiquitin-protein ligase SIS3-like (E3s-SIS3)*, *E3 ubiquitin-protein ligase PUB23-like (E3s-PUB23)*, and down-regulated *E3 ubiquitin-protein ligase RHA1B-like (E3s-RHA1B)*, *F-box protein At1g55000-like (F box)* genes according to RT-qPCR, which had similar trend with the transcriptome data. In summary, NSP of BBTV triggered the differential gene expression of the ubiquitination-related factors, and may further inhibit the stress granule (SG) formation in banana plants. These results elucidated the pathogenic mechanism of BBTV infection banana plants, which provides an effective strategy to prevent and control banana bunchy top disease or other plant viral diseases caused by nanoviruses.

Key words: banana, Banana bunchy top virus, transcriptomic sequencing, ubiquitination, E3 ubiquitin-protein ligase, heat shock protein

基金项目: 海南省自然科学基金高层次人才项目 (322RC769); 海南省国际科技合作研发项目 (GHYF2023010); 中央级公益性科研院所基本科研业务费 (1630052023003)。

作者简介: 蓝雯(1999-), 女, 硕士研究生。研究方向: 热带植物病毒学与抗病育种, E-mail: 486917928@qq.com.

*通讯作者, E-mail: yunaitong@163.com

核磁共振技术在油棕的研究应用

Application of nuclear magnetic resonance technology on oil palm research

吴秋妃¹, 刘卉昕², 李启贇^{1*}

(¹中国热带农业科学院椰子研究所, 海南文昌, 571339;

²云南农业大学热带作物学院, 云南普洱, 665000)

当前, 光谱技术在农作物的生产应用广泛深入, 其中, 核磁共振(nuclear magnetic resonance, NMR)技术在油棕相关领域的研究就已有 40 年历史。在生理结构上, 传统的 NMR 技术不仅可非侵入性地对油棕的生长发育情况进行监测, 达到更高效地对油棕品系质量的优劣进行精准鉴定评价及分选, 解决了传统解剖学的破坏性损伤及资源损耗问题, 还可以通过此技术扫描监测油棕果、油棕叶、油棕柄、油棕树干、油棕空果束等内部结构部位发育的程度, 并换算成相应营养成分组成比例。在成分分析上, NMR 还可分别为 ¹H、¹³C、²⁹Si、¹³P 等标记相结合, 对油棕各组织部位的木质素等可利用材料资源进行组分分析, 甚至可结合代谢组学分析, 对田间的油棕茎组织基腐病 (basal stem rot, BSR) 等病害感染进行监测及严重程度指数评估。然而, 目前的 NMR 技术主要集中油棕产业废料的再次利用方面, 尤其是油棕空果束的木质素研究分析, 应用领域相对局限。综上所述, NMR 对于油棕资源的开发利用具有重要意义, 在未来各项数据或技术的完善下, NMR 在油棕等农作物的研究应用上将更加深入。

关键词: 油棕; 核磁共振; 光谱技术; 成分分析

柑橘黑点病研究进展

卢松茂*, 林秀香, 林明睿, 蔡坤秀, 黄朝阳

(福建省热带作物科学研究所, 漳州 363001)

摘要: 柑橘黑点病是由柑橘间座壳菌 *Diaporthe citri* 引起的一种柑橘重要病害, 在世界柑橘主产区均有发生, 严重影响柑橘商品价值和品质。*D. citri* 的寄主范围广泛, 世界上尚未发现对 *D. citri* 完全免疫的柑橘品种, 它可以侵染现有栽培的所有柑橘品种, 其中以葡萄柚和柠檬最为感病。本文对国内外柑橘黑点病的危害症状与分布、病原的种类、生物学特性、侵染过程、发生规律以及防治方法等方面内容的最新研究进展进行综述, 并对柑橘黑点病的未来重点研究方向进行展望, 以期对柑橘黑点病的防控策略提供科学依据。

关键词: 柑橘, 黑点病, 柑橘间座壳菌, 发生规律, 病害防治

Research progress in Citrus melanose

LU Songmao, LIN Xiuxiang, LIN Ming-ru, CAI Kun-xiu, HUANG Chao-yang

(Fujian Institute of Tropic Crops, Zhangzhou 363001, China)

Abstract: The citrus melanose caused by *Diaporthe citri* is an important disease, which seriously affecting the market value and quality of citrus fruits. Until now, this disease is widely distributed in the major citrus-producing areas in the world. The host range of *D. citri* is unusually wide, and the all cultivated *Citrus* varieties are all infected by *D. citri*, which the grapefruit and lemon are the most sensitive to it. This paper summarized the latest research progresses of *Diaporthe citri* including symptoms and distribution, pathogen types, biological characteristics, infection process, occurrence regularity, and prevention and control methods of citrus melanose at home and abroad. The future research direction of citrus melanose was also proposed, in order to provide scientific basis and reference for the prevention and control strategies of citrus melanose.

Keywords: Citrus, melanose, *Diaporthe citri*, occurrence regularity, disease control

柑橘 (*Citrus*) 是全球第一大水果, 因富含维生素、多糖、有机酸、蛋白质、膳食纤维以及抗氧化物质等而深受广大消费者喜爱^[1-4]。2017 年全球柑橘栽培面积达 1.73 亿亩, 产量达 1.84 亿吨, 面积和产量均居全球第一^[5]。在我国, 2021 年柑橘产量达 5595.6 万吨^[6], 年产值超两千亿元, 是我国农业的重要支柱产业。近年来, 随着柑橘栽培面积的不断扩大, 以及种植条件变化、生态环境等因素的影响, 柑橘黑点病的发生和流行等问题越来越突出, 在我国的柑橘主产区, 包括广西、湖南、湖北、浙江、江西、福建、云南等地普遍发生, 发病严重的病果率达 100%, 严重影响柑橘鲜果外观和商品价格, 造成果农重大的经济损失, 对我国柑橘产业健康发展造成严重制约^[7-14]。

柑橘黑点病 (*Citrus melanose*) 也被称为柑橘砂皮病 (*melanose*)、柑橘树脂病 (*Citrus gummosis*) 和柑橘褐色蒂腐病 (*Citrus Stem-end rot*), 由多种间座壳菌 *Diaporthe* 引起, 其中柑橘间座壳菌 *Diaporthe citri* 仍为优势种, 无性态为柑橘拟茎点霉 *Phomopsis citri*^[15]。*D. citri* 寄主范围广, 可侵染所有柑橘栽培品种, 其中柠檬和葡萄柚易感病^[16], 目前尚未发现对 *D. citri* 完全免疫的柑橘品种。柑橘基因组以及

收稿日期

基金项目 福建省属公益类科研院所基本科研专项 (2018R1028-3)

作者简介 卢松茂 (1983-), 男, 博士研究生, 研究方向: 柑橘、香蕉等病害病原菌生物学以及防控技术研究; *通信作者 (Corresponding author): 卢松茂, E-mail: songmaolu@163.com。

D. citri 基因组信息已完成测序和注释^[17-22],为进一步挖掘 *D. citri* 的侵染机制以及分析柑橘的抗病基因的挖掘提供了广阔的前景。针对柑橘黑点病发生流行的严重性以及其对柑橘产业的危害,本文就国内外柑橘黑点病的危害症状与分布、病原的种类、生物学特性、侵染过程、流行规律以及防治措施等方面的研究进展进行综述,并对未来柑橘黑点病的防控策略以及研究方向等进行展望。

1 柑橘黑点病的症状与分布

1.1 症状

柑橘黑点病的症状可能因地理位置、寄主品种、发生季节、生理因素和感染严重程度而异^[23]。*D. citri* 侵染柑橘后,可以引起不同的症状,包括在柑橘叶片、枝条和果实表面形成黑点突起 (melanose)、引起采后果实果蒂、果肉的褐色腐烂 (stem-end rot) 以及引起柑橘树枝、树干的流胶 (gummosis) 或枯死 (blight) 等症状^[16]。

果实症状:果实发病轻时,果面仅散生黑色至红褐色小点,有时呈条状或泪痕状^[24];发病严重时,黑点连成片,果实表皮细胞木栓化并开裂,形成坚硬的黑色斑纹或者粗糙的裂纹区,呈泥块状,与锈螨为害引起果皮光滑的斑纹明显不同。此外,在柑橘的储藏期,受害柑橘的果蒂及果肉等部位呈现褐色腐烂,不能食用^[14]。

病叶症状:柑橘新叶感病后,初期呈现水浸状凹陷褐色斑点,周围呈半透明黄色晕圈;后期病叶表皮破裂,渗出的粘性物质变成黄褐色坚硬的小粒点,黄色晕圈消失后,形成褐色或黑色点状、线状、或不定形的粒点突起^[25]。

枝条或树干发病症状:新梢发病初期形成针状小斑点,后期表面形成黄褐色或黑褐色点状、线状或不定形的粒点突起^[25];柑橘主干发病后期常引起流胶或干枯^[26],并且 *D. citri* 在枯死枝条上产生大量的分生孢子器,释放大量的分生孢子,因此,枯死枝条在 *Diaporthe citri* 产孢和繁殖方面起主要的作用。此外,在枯枝上也可形成少量的子囊壳和子囊孢子,但在柑橘活体组织上子囊孢子的形成情况尚不明确^[16]。

1.2 分布

D. citri 分布在世界各地柑橘产区^[23]。根据美国农业部的系统真菌学和微生物学实验室 (Systematic Mycology and Microbiology Laboratory, SMML) 和农业与生物科学国际中心 (the Centre for Agriculture and Bioscience International, CABI) 数据库的资料显示, *D. citri* 仍是柑橘黑点病的优势种,并且已在世界各地的柑橘产区分布,包括中国、菲律宾、日本、韩国、泰国、缅甸、柬埔寨、斐济、毛里求斯、美国、墨西哥、海地、古巴、多米尼加共和国、巴拿马、波多黎各、委内瑞拉、特立尼达和多巴哥、巴西、塞浦路斯、葡萄牙 (亚速尔群岛)、新西兰、纽埃、萨摩亚、汤加、库克群岛、科特迪瓦和津巴布韦等国家^[27-29]。其中,柑橘黑点病在我国柑橘的主产区包括广西、湖南、湖北、浙江、江西、福建、云南、贵州、重庆、广东、四川以及上海等省份或直辖市普遍发生^[7, 30-33],对我国柑橘产业健康发展造成严重制约^[9-14, 16]。

2 柑橘黑点病病原形态、种类、生物学特性以及侵染过程

间座壳菌 *Diaporthe* (无性态为拟茎点霉 *Phomopsis*) 有高度的物种多样性,包含植物病原菌、无致病性的内生菌和腐生菌^[34]。截止目前 (2023 年 7 月),在 Index Fungorum 网站 (<http://www.indexfungorum.org/Index.htm>) 可以查询到 *Diaporthe* 属的真菌有 1218 个, *Phomopsis* 属真菌的记录为 985 个。间座壳菌的寄主专化性不强,同一种间座壳菌可侵染多种寄主植物,在同一种寄主植物上也常被多种间座壳菌复合寄生^[34-38]。

2.1 病原形态

柑橘黑点病的病原优势种为柑橘球座菌 *Diaporthe citri*^[15], *D. citri* 可以产生有性态的子囊孢子和无

性态的分生孢子，是柑橘黑点病的重要侵染源。在自然条件下，*D. citri* 的子囊壳和分生孢子器仅在枯死的树枝或蒂腐病果上产生^[23]。子实体结构、子囊孢子形态、分生孢子形态、菌落培养特征以及寄主是 *Diaporthe* 属真菌形态鉴定的重要依据^[23, 27]。*D. citri* 的子囊壳在腐烂的柑橘树枝上形成，埋生于树皮，成熟后突起，呈球形至圆锥形，黑色，具有细长的子囊壳颈。子囊果单壁，内含 8 个子囊孢子^[23]。子囊孢子含有 4 个油滴或脂滴，呈梭形、椭圆形至圆柱形，具隔膜，在子囊果中呈双列或单列排列^[27]。

分生孢子器球形，埋生于寄主表皮组织中，成熟时突起，在潮湿条件下，通常有淡黄色的分生孢子团，从分生孢子器孔口排出。分生孢子梗无色，光滑，安瓿状，无分枝。产孢细胞瓶梗状，圆柱形。 α 型分生孢子无隔膜，无色，光滑，卵形至椭圆形，含 1-2 个脂滴^[23]。 β 型分生孢子产生于较老的分生孢子器，无色，无隔膜，具长而细的杆状结构，不含脂滴，并且不萌发^[27]。然而，*Diaporthe* 属的形态特征并不足以准确鉴定到 *Diaporthe* 种的水平^[39]。

2.2 病原种类

截止目前，在柑橘属植物中已鉴定的与 *Diaporthe* 相关的内生菌、腐生菌以及致病菌的数量达到 33 种^[27]，其中 13 种的 *Diaporthe* 真菌为对柑橘无致病性的内生菌，而有 20 种 *Diaporthe* 真菌对柑橘具有一定的致病力，侵染后产生黑点、蒂腐或枯枝等症状，但它们对不同柑橘品种的致病力存在明显差异^[23, 27, 40]。其中，*Diaporthe citris* (无性态为 *Phomopsis citris*) 的致病力最强，它可以侵染所有栽培柑橘，包括宽皮柑橘 *Citrus reticulata*、甜橙 *C. sinensis*、柚子 *C. grandis* 或 *C. maxima*、柠檬 *C. limon* 和葡萄柚 *C. paradisi* 等柑橘品种的叶片、果实和枝条，是引起国内外柑橘黑点病的优势种^[38]，而其它的致病菌包括 *D. citriasiana*、*D. citrichinensis* 等菌株在柑橘栽培品种上不常见，致病力较弱，较少同时侵染寄主的叶片、果实或枝条^[27, 38]。值得注意的是，在希腊、美国、马耳他、意大利、新西兰、葡萄牙、西班牙、土耳其、黎巴嫩等国家的 *Diaporthe foeniculina* 菌株会引起柑橘果腐、枝条溃疡以及枯萎等症状^[27]，容易与 *Diaporthe citri* 引起的黑点病和蒂腐病混淆。此外，*Diaporthe* 过去主要依据菌株的形态特征、子实体结构、子囊孢子和分生孢子形态以及寄主等因素进行的 *Diaporthe* 种的命名，给 *Diaporthe citri* 的分类造成了很大的困惑。*Diaporthe citri* 曾被命名为 *D. medusae* Nitschk(1867)、*Phoma cytospora*、*D. citrincola*、*D. californica*、*P. californica* 和 *P. caribaea* 等^[23]。当前，基于多基因位点包括核糖体内转录间隔区 (rDNA internal transcribed spacer, ITS)、转录延伸因子 1- α (translation elongation factor 1-alpha, TEF1- α)、 β -微管蛋白 (beta-tubulin, TUB)、组蛋白-H3 (histone H3, HIS) 和钙调蛋白 (calmodulin, CAL) 和交配型 MAT1 基因等序列的综合系统发育分析^[34, 41-43]，摒弃了仅单一依赖 ITS 序列进行 *Diaporthe* 种间的分子鉴定做法，为 *Diaporthe citri* 的准确、快速鉴定以及检测技术开发利用提供重要参考，比如利用特异引物进行常规 PCR、实时荧光定量 PCR 以及 LAMP 扩增技术等^[29, 44, 45]，为田间柑橘黑点病发生流行的实时监测以及病害的有效防控发挥了重要作用。比如，用特异引物 TUBDcitri-F1 (5'-CCATTTGACCATCTGCAACAT-3') 和 TUBD-R1 (5-CCTTTGTTGACCCGGTTCC-3) 进行 PCR 扩增，可以快速区分鉴定 *D. citri*，仅 *D. citri* 能扩出 217bp 条带，而其他 *Diaporthe* 内生菌或腐生菌则没有条带，检测限达 10pg^[29]。根据 TUB 基因设计了一对特异性引物 Dc-F(5'-CCCTCGAGGCATCATTAC-3')/Dc-R(5'-ATGTTGCAGATGGTCAAATGG-3')，采用常规 PCR 和实时荧光定量 PCR 方法 (RT-PCR) 检测柑 *D. citri*，可以准确区分近似病原菌，包括 *Diaporthe biguttulata*、*D. unshiuensis*、*D. arecae*、*D. biconispora*、*D. sojiae*、*D. endophytica*、*D. hongkongensis*、*D. citriasiana*、*D. citrichinesis*、*Diaporthe* sp.、*D. discoidispora*、*D. eres*、*D. subclavata*、*D. multiguttulata* ^[45]。

当前，已有研究表明，*D. citri* 群体间遗传分化与它的地理隔离密切相关，而与它的寄主相关性低，并且 *D. citri* 是异宗配合真菌，在田间果园中它的有性繁殖频繁发生，意味着子囊孢子在病害侵染循环中也发挥着重要的作用^[16, 46]。

2.3 生物学特性

已有研究表明, *D. citri* 的菌丝生长、分生孢子器形成以及分生孢子器产孢过程与它的代谢物变化密切相关, 其中氧化脂类代谢物是 *D. citri* 产孢的关键代谢物^[47]。此外, *D. citri* 菌丝的生长、菌落形态以及产孢与营养条件、温度、光照以及 pH 等条件密切相关。蔗糖以及酵母、蛋白胨以及牛肉膏等碳源或氮源适合 *D. citri* 菌丝生长, V8 培养基和燕麦培养基 (OA) 为 *D. citri* 菌丝生长的最佳培养基^[48]。*D. citri* 在 PDA 培养基上 (25℃、黑暗条件) 生长缓慢, 菌落边缘白色, 气生菌丝蓬松, 菌落背面有黄绿色色素沉着或呈白色, 羽毛状, 菌丝生长速率较 *D. citriasiatica* 和 *D. citrichinensis* 的慢^[23]。*D. citri* 在 MEA 和 OA 培养基上菌落正面呈白色, 扁平, 有密集的毡状菌丝, 后期菌落背面变黄^[49]。*D. citri* 菌丝生长最适温度为 26-30℃, 最适 pH 条件为 pH6-pH9, 且光暗交替有利于菌丝生长, 而菌丝在温度高于 35℃ 或低于 10℃ 以及强酸 (pH2) 或强碱 (pH13) 条件下时, 生长停滞, 甚至致死^[48]。

不同培养基或营养条件影响 *D. citri* 的分生孢子的形成。*D. citri* 在 PDA 培养基上光暗交替条件下生长 (25℃) 仅形成 α 型分生孢子^[38], 但来源于印度柠檬上的 *Phomopsis citri* 在相似条件下生长, 不仅可以产生 α 分生孢子, 还可以产生 β 型分生孢子^[28], 推测可能与不同地域分离的 *D. citri* 菌株相关。用灭菌后的柑橘枝条置于水琼脂培养基上培养 *D. citri*, 可形成大量的 β 型分生孢子, 较少形成 α 型分生孢子^[38], 但用无菌的苜蓿枝培养 *D. citri* 并不产生 β 型分生孢子^[23]。此外, *D. citri* 在 MEA、OA 培养基以及用无菌的木豆 *Cajanus indicus* 茎杆培养 *D. citri* 均可产生分生孢子器。

D. citri 分生孢子在含柚子成分的培养基中萌发 50% 的所需的最短保湿湿润期为 13 h, 最适温度为 29.2℃^[50]。干燥的条件、温度低于 17℃ 或高于 35℃, *D. citri* 的分生孢子或子囊孢子不能侵染寄主^[51], 但 *D. citri* 分生孢子溶液人工喷雾接种柑橘叶片, 保湿培养 15-25d 后, 便可见病斑形成^[28, 38, 52]。

2.4 侵染过程

柑橘黑点病症状的形成与流胶 (gummosis) 和木栓化 (suberization) 现象的发生相关^[15]。其中, 流胶是病原真菌 *D. citri* 分泌果胶酶 (pectic enzymes) 降解柑橘细胞壁的结果, 木栓化是柑橘植物对受伤的组织常见的胁迫响应反应^[15]。*D. citri* 侵染柑橘叶片后, 叶际微生物组的群落均匀度显著降低, 涌现新的微生物, 包括对 *D. citri* 具有拮抗活性的泛菌 *Pantoea* asv90 和甲基杆菌 *Methylobacterium* asv41, 以及对铁复合物外膜受体蛋白具有富集功能的鞘单胞菌 *Sphingomonas* spp.^[53]。

用 *D. citri* 分生孢子溶液接种葡萄柚叶片, 36-48h 后 *D. citri* 分生孢子萌发形成的芽管直接穿透叶片的角质层, 菌丝在相邻表皮细胞的侧壁之间向下延伸至叶片的栅栏薄壁组织, 菌丝分枝扩展^[15]。4d 后 *D. citri* 分泌的果胶酶降解叶片表皮细胞以及 6 层薄壁细胞的细胞壁, 并瓦解细胞, 造成叶片凹陷, 并且在侵染处充满红棕色的粘性胶状物质^[15, 54], 但叶片的角质层仍完好无损^[15]。7d 后叶片的木栓层坏死的几个细胞层区域下面开始分化, 形成周皮, 同时病变下方健康组织的正常生长导致抬起脓疱并破裂角质层以释放胶状物, 变成棕色并变硬, 形成像砂纸一样粗糙的病斑^[15, 54], 具有大量的小粒状棕色或黑色的突起物^[15, 51]。因此, *D. citri* 分泌的细胞壁降解酶在侵染叶片过程中发挥着极其重要的作用。

由 *D. citri* 引起的柑橘蒂腐病具有潜伏侵染的特性^[55], *D. citri* 侵染未成熟的果实后, 由于抗菌物质等因素的影响, 限制 *D. citri* 在果实上的侵染发展, 并不表现症状。但在果实成熟期或贮藏期, *D. citri* 在病果中分泌的果胶酶 (pectic enzymes)、蛋白酶 (proteases)、酰胺酶 (amidase)、脂肪酶 (eytase)、转化酶 (invertase)、麦芽糖酶 (maltase) 和乳化剂 (emulsin) 等, 促进 *D. citri* 在果实内部的生长和侵染^[15, 56, 57], 表现果实腐烂症状。病果的解剖结果显示, 柑橘表皮以内疏松的薄壁组织细胞、果轴、髓部以及维管束最易受 *D. citri* 的破坏, 而柑橘表皮的油腺以及高酸度的果汁分别对表皮和果肉起到一定的保护作用^[15, 56]。然而, *D. citri* 调控多种降解酶的合成的分子调控机制尚不清楚, 并且 *D. citri* 对柑橘果实侵染过程的研究报道较少。

3 柑橘砂皮病发生规律以及防治措施

3.1 发生规律

D. citri 的寄主范围仅限于柑橘属植物, 包括宽皮柑橘 *Citrus reticulata*、甜橙 *Citrus sinensis*、柚子 *Citrus grandis* 或 *Citrus maxima*、柠檬 *Citrus limon* 和葡萄柚 *Citrus paradisi* 等柑橘品种^[27], 其中柠檬和葡萄柚为柑橘黑点病的易感品种。柑橘黑点病的发生流行与 *D. citri* 侵染源的数量、气候条件、柑橘品种、树龄以及果园栽培管理措施等密切相关^[51, 58-60]。

柑橘枯死枝条是 *D. citri* 越冬和繁殖的重要场所, 除生长期被 *D. citri* 侵染的柑橘枝梢枯死后产生分生孢子和子囊孢子外, 果园由于低温冻害、强风、病虫害等引起的枯梢也容易受 *D. citri* 的二次感染, 并产生无性孢子和有性孢子^[51, 60], 是田间柑橘黑点病的重要侵染源^[59]。枯死枝条上形成 *D. citri* 的分生孢子器的产量与柑橘黑点病发生的严重程度、湿度、温度和树枝大小等密切相关^[61]。分生孢子器仅形成于受 *D. citri* 侵染的枯死枝条, 并且柑橘黑点病发生严重的枯死枝条, 其分生孢子器形成的数量显著增加^[24]。在人工接种条件下, 受 *D. citri* 侵染的柑橘枯死枝条形成分生孢子器时间最快仅需要 45-60d^[61], 柑橘黑点病枯死枝条在相对湿度为 94%-100%以及 28℃条件下, 以及直径为 3-5mm 的柑橘枯死病枝最有利于 *D. citri* 分生孢子器的产生^[24, 61]。研究表明, 果园中 *D. citri* 分生孢子器的产生数量与大于 20℃的天数显著相关, 而与总的降雨量弱相关^[61]。不过, 相对较低的湿度和温度更有利于 *D. citri* 分生孢子在树枝上的存活^[24]。有意思的是, 尚未枯死的柑橘黑点病枝条或者无柑橘黑点病症状的枯死枝条不形成任何分生孢子器^[61]。因此, 在枯枝和腐烂的树林上是黑点病菌产孢的起主要作用, 活的受感染组织在自然界中的病菌菌繁殖中起次要作用^[16]。然而, 有关柑橘果园中 *D. citri* 侵染的枯死枝条上子囊孢子的消长动态规律尚无系统的观察记录^[16]的报道。

D. citri 的分生孢子和子囊孢子的传播途径不同。分生孢子主要通过雨水飞溅后与柑橘新叶、新梢和果实的表面接触, 其传播距离较短, 具有从上至下的传播特点^[59], 而子囊孢子通过自身的弹射力从子囊中释放, 并通过气流传播扩散, 具有传播距离较远的特点^[59]。

D. citri 的分生孢子成功侵染寄主与柑橘的感病期、温度以及湿度密切相关。柑橘的嫩叶、嫩枝以及谢花后 12 周内的幼果均处于易感病期, 新叶完全展开后或者谢花后 12 周以上的幼果对 *D. citri* 的抗性逐渐增强。尽管有报道柑橘在整个生育期都会受到的侵染, 但后期感染的症状明显较前期的症状轻。室内研究结果表明, 在 25℃条件下, *D. citri* 分生孢子成功侵染柑橘需要 10-12h 的湿润条件, 而在 15℃条件需要 18-24h 的湿润条件^[51]。人工接种葡萄柚试验也表明, 在 24℃或 28℃条件下, 湿度保持 24h 以上, 柑橘黑点病发生严重, 柑橘叶片黑点病的潜育期为 4-7d^[59], 温度低于或高于 24-28℃, 则需要更长的高湿条件才能成功侵染, 潜育期更长^[59]。在自然条件下, 当平均气温大于 22℃, 叶片每周维持湿度超过 80h 时, 柑橘黑点病发病率将明显增加^[62]。此外, 柑橘果实生长期的平均温度在 20℃, 该时期的降雨与柑橘黑点病的发生密切相关, 果面持续高湿时间延长, 黑点病发生严重^[59]。因此, 柑橘黑点病的发生与生长期的降雨和果园的湿度密切相关^[59]。

在不同的国家或地区, 由于气候条件以及柑橘品种的差异, 发病的严重程度或高峰期也存在差异, 但与柑橘的物候期密切相关, 柑橘幼果至膨大期发病严重, 与降雨量密切相关, 果实停止膨大至转色期发病较轻^[33]。在美国, 5 月至 8 月葡萄柚果实最容易受到 *D. citri* 侵染^[61]。在上海, 6 月上旬至 8 月下旬是柑橘黑点病持续发生的时期, 其中 6 月中旬至 7 月中旬这段时间为柑橘黑点病发生的高峰期^[33, 63]。在浙江临海柑橘产区的温州蜜柑从 4 月至 9 月均可被 *D. citri* 侵染^[64]。在湖北十堰柑橘产区, 柑橘黑点病在 4-6 月和 9-11 月发病重, 而在广东梅州黑点病多为整园连片发生, 树势衰弱以及湿度大的果园发病重^[26]。此外, 柑橘褐色蒂腐病在一些潮湿产区普遍存在, 在半干燥产区柑橘蒂腐病发病较轻^[65]。

3.2 防治措施

3.2.1 化学防治

受 *D. citri* 侵染的柑橘枯死枝条是柑橘黑点病的主要侵染源, 完全清除果园的枯死枝条费时费力,

现实可行性和可操作性差。施用杀菌剂仍然是防治柑橘黑点病的主要方法。铜制剂和代森锰锌等保护性杀菌剂在国内外对柑橘黑点病均具有较好的预防和保护作用^[8, 66-70]。铜制剂一般在柑橘谢花 1/2 后或完全谢花后使用, 但铜制剂的保护作用随着叶片或果实的生长膨大或者雨水冲刷而容易丧失, 需要定期喷施铜制剂, 以提供持续的防效^[27], 并且在干热条件 (大于 35℃) 下使用铜制剂, 容易产生药害和植物毒性^[51, 71]。已有报道用含 100μg/mL 二氧化硅和 200 μg/mL 季铵化合物 (季铵盐) 的复合物替换铜制剂使用, 消除植物毒性^[72]。此外, 在中国柑橘黑点病发病严重的果园代森锰锌的使用量 (4 克/升) 已明显大于推荐的使用量 (1.34 g/L)^[73], 尽管我国田间柑橘砂皮病菌对代森锰锌仍处于敏感状态^[8, 68], 但长期使用高浓度的杀菌剂也容易出现抗药性和环境污染问题。已有报道 0.1 克/升的醚菌酯 kresoxim-methyl 和 2 克/升的弹性纳米共聚物薄膜 (elastic nanocopolymer film) 与 1 克/升的代森锰锌的混合使用防治效果, 与 2.66 克/升的代森锰锌的功效相同^[73]。另外, 由恶唑烷二酮和代森锰锌复配而成的一种保护性杀菌剂 68.75% 杜邦易保水分散剂与 97% 希翠矿物油 (法国道达尔公司) 混合使用, 对柑橘黑点病的防效达 73% 以上, 夏秋梢叶片的防治效果达 84.27%, 同时大大的减少了化学农药的使用量^[74]。此外, 添加 0.25-0.5% 的矿物油 (绿颖) 或 0.05% 的有乙氧基改性聚三硅氧烷 (GE 公司) 可以提高代森锰锌对柑橘黑点病的防效^[59]。

具有治疗性的甲氧基丙烯酸酯类 strobilurin 对柑橘黑点病具有较好的防效, 但该类药剂易产生抗药性, 1 年内禁止多次频繁使用^[51]。苯醚菌酯是我国自主研发的苯醌外部抑制剂 (quinone outside inhibitor, QoI) 类杀菌剂, 我国的 *D. citri* 种群对其敏感^[75]。醚菌酯 kresoxim-methyl 和肟菌酯 trifloxystrobin 在 0.1 μg/ml 下对 *D. citri* 分生孢子萌发的抑制率高达 100%^[73]。同类产品中的啞菌酯 (azoxystrobin)、吡唑醚菌酯 (pyraclostrobin) 在美国已登记用于防治柑橘的黑点病、黑斑病、脂点黄斑病和褐斑病, 但是啞菌酯治疗效果较吡唑醚菌酯低, 适合做保护性药剂防治黑点病^[76, 77]。此外, 吡唑醚菌酯 pyraclostrobin 相较于氢氧化铜 copper hydroxide 和恶唑菌酮 famoxadone 具有较好的保护和治疗效果, 喷洒吡咯菌酯后, 即使葡萄柚叶片面积增加到 400-500% 时, 其对 *D. citri* 仍然有效^[78]。此外, 颗粒状纳米氧化锌杀菌剂配方 SG6 Zinkicide formulations, 具有胶状结构, 对葡萄柚黑点病有防效, 不产生植物毒性^[51]。

近年来, 也出现了一些新的混配药剂, 对柑橘黑点病具有很好的防治效果。Kocide@3000 (氢氧化铜) 和 Nativo (戊唑醇 tebuconazole+肟菌酯 Trifloxystrobin) 混配药剂对 *D. citri* 菌丝生长的抑制效果明显^[79]。吡唑醚菌酯分别与苯醚甲环唑、甲基硫菌灵悬浮剂、王铜悬浮剂、喹啉铜悬浮剂等药剂的混配防效均达 77% 以上^[80]。此外, 添加矿物油、有机硅、保湿蜡等提高了氟啶胺、代森锰锌和铜制剂等杀菌剂对柑橘黑点病的药效^[59, 81, 82]。然而, 大多数杀菌剂对 *D. citri* 子实体的形成和产孢影响小^[61], 仅有报道苯菌灵 benomyl 可以抑制产孢, 减少侵染源, 但它对柑橘黑点病的防治效果差^[83]。

3.2.2 生物防治

尽管化学防治在管理植物病害方面发挥着重要作用, 但化学农药的过度使用容易造成食品污染和环境污染等严重问题。生物防治利用拮抗微生物防治植物病害, 是化学防治的可行替代方案, 并且一些拮抗微生物还可促进植物生长和以及增强植物抗性^[27]。

已有报道唐菖蒲伯克霍尔德菌 *Burkholderia gladioli* TRH423-3 和、MRL408-3 菌株、恶臭假单胞菌 *Pseudomonas putida* THJ609-3 和荧光假单胞菌 *Pseudomonas fluorescens* TRH415-2 对 *D. citri* 具有抗真菌活性^[52]。恶臭假单胞菌 *P. putida* THJ609-3 预处理柑橘叶片, 显著降低 *D. citri* 分生孢子萌发率, 导致 *D. citri* 芽管形态异常, 直接影响 *D. citri* 对柑橘的侵染^[84]。枯草芽孢杆菌 *Bacillus subtilis* KB-401 可抑制 *D. citri* 分生孢子萌发^[85]。硫杆菌 *Thiobacillus species* 产生的生物硫 bio-sulfur 预处理柑橘叶片后, 显著降低柑橘黑点病的发生率^[86]。贝氏芽孢杆菌 *Bacillus velezensis* CE 100 菌株产生的一些挥发性物质抑制 *D. citri* 的生长, 并且 CE 100 菌株培养滤液产生的多种细胞壁崩解酶和代谢物对 *D. citri* 的菌丝形状和分生孢子萌发影响大^[87]。淀粉芽孢杆菌 *Bacillus amyloliquefaciens* Y1 菌株培养滤液对 *D. citri* 的生长抑制效果显著, 影响菌丝体形态, 降低了病害发生率^[88]。在田间实验中, 据报道, 在柑橘

春梢长 2~3 cm、谢花 2/3、幼果期分别喷施枯草芽孢杆菌 *Bacillus subtilis* M-23 菌株发酵液,对柑橘砂皮病的防治效果达 74.02%^[89]。此外,刘常利分离鉴定的棘孢木霉 *Trichoderma asperellum* 和 *Trichoderma asperelloides* 生防菌都能分泌漆酶,不仅具有降解柑橘枯枝的作用,还具有抑制或杀灭 *D. citri* 在柑橘枯枝上的繁殖的功能^[90]。

3.2.3 农业防治及诱导植物抗性

加强柑橘果园的栽培管理,合理密植,增强果园通透性,降低果园湿度;增施有机肥和磷钾肥,少施氮肥;及时防治蛀干害虫等措施可降低柑橘黑点病的发生^[26, 91]。同时,与杀菌剂的配合使用抗性诱导化合物,包括 Oxycom、Serenade、ReZist、Aliette、Nutriphite、Actigard 和 Benlate 等,可提高柑橘的免疫力,以及提高柑橘黑点病的防控效果^[92]。

4 展望

柑橘作为重要的经济作物,在农业可持续发展中具有重要作用,但柑橘黑点病严重制约着柑橘产业健康发展。*D. citri* 的寄主广泛,目前尚缺乏对 *D. citri* 完全免疫的柑橘品种。周娜等(2015)建立了柑橘种质资源抗黑点病的评价方法,为获得抗病种质资源和提高抗病育种效率提供了重要参考^[93]。然而,有关 *D. citri* 侵染和致病的分子机制研究报道较少^[22]。近年来,许多柑橘品种的基因组数据库不断完善^[17-19],并且 *D. citri* 菌株 NFHF-8-4 基因组也已被测序和注释^[22],为研究 *D. citri* 与柑橘植物的分子互作机制以及解析 *D. citri* 侵染柑橘的致病机制提供重要平台。因此,关于 *D. citri* 与柑橘互作的早期分子识别机制,以及挖掘和利用抗病基因等方面仍有待深入研究。

此外,化学防治仍是当前防控柑橘黑点病的重要手段,但大量的使用化学农药容易导致生态环境遭破坏,以及病菌抗药性的增加等问题仍困扰着农业的可持续发展,加强对具有重要价值的生物防治因子的筛选和应用研究,以及新型高效绿色化合物的挖掘与应用等方面,是今后柑橘黑点病防控技术研究的重点之一。

参考文献

- [1] 李勋兰,洪林,杨蕾,王武,韩国辉,农江飞,谭平. 11个柑橘品种果实营养成分分析与品质综合评价[J]. 食品科学, 2020, 41(08): 228-233.
LI X L, HONG L, YANG L, WANG W, HAN G H, NONG J F, TAN P. Analysis of nutritional components and comprehensive quality evaluation of citrus fruit from eleven varieties[J]. Food Science, 2020, 41 (08): 228-233. (in Chinese)
- [2] ZOU Z M, XI W, HU Y, NIE C Y, ZHOU Z. Antioxidant activity of Citrus fruits[J]. Food chemistry, 2016, 196: 885-896.
- [3] 邓秀新. 世界柑橘品种改良的进展[J]. 园艺学报, 2005, (06): 1140-1146.
DENG X X. Advances in worldwide Citrus breeding[J]. Acta Horticulturae Sinica, 2005, (06): 1140-1146. (in Chinese)
- [4] 丁晓波,张华,刘世尧,廖益均,周志钦. 柑橘果品营养学研究现状[J]. 园艺学报, 2012, 39(09): 1687-1702.
DING X B, ZHANG H, LIU S Y, LIAO Y J, ZHOU Z Q. Current status of the study in Citrus nutriology. Acta Horticulturae Sinica, 2012, 39 (09): 1687-1702. (in Chinese)
- [5] 莫星煜,毛玲莉,王梓,徐梦茜. 国内外柑橘产业发展现状综述[J]. 农村实用技术, 2021, (02): 9-10.
MO X Y, MAO L L, WANG Z, XU M X. Overview of the development status of citrus industry at home and abroad[J]. Non-gcun Shiyong Jishu, 2021, (02): 9-10. (in Chinese)
- [6] 国家统计局. 中国统计年鉴[M]. 中国统计出版社, 2022.
Natioanl Bureau of Statistics. 2022. China Statistical Yearbook[M]. Beijing: China Statistical Press. (in Chinese)
- [7] 向进,熊仁财,周向阳,韩琼,易继平. 秭归县柑橘沙皮病发生特点及综合防治策略[J]. 湖北植保, 2015, (05): 39-40+43.
XIANG J, XIONG R C, ZHOU X Y, HAN Q, YI J P. Occurrence characteristics and comprehensive prevention and control strategies of citrus melanose in Zigui County[J]. Hubei Plant Protection, 2015, (05): 39-40+43. (in Chinese)
- [8] 陈国庆,姜丽英,徐法三,李红叶. 防治柑橘黑点病药剂的离体和田间筛选[J]. 浙江大学学报(农业与生命科学版), 2010, 36(4): 440-444.
CHEN G Q, JIANG L Y, XU F S, LI H Y. In vitro and in vivo screening of fungicides for controlling citrus melanose caused by

- Diaporthe citri*[J]. Journal of Zhejiang University(Agric. & Life Sci.), 2010, 36 (4): 440-444. (in Chinese)
- [9] 戴萍香, 杨素华, 吴瑞宏, and 起瑞菊. 德宏州柠檬流胶病的发生及防治[J]. 云南农业科技, 2012, (2): 54-55.
DAI P X, YANG S H, WU R H, QI R J. The occurrence and prevention of lemon gum disease in Dehong Autonomous Prefecture [J]. Yunnan Nongye Keji, 2012, (2): 54-55. (in Chinese)
- [10] 姜丽英, 徐法三, 黄振东, 黄峰, 陈国庆, 李红叶. 柑橘黑点病的发病规律和防治[J]. 浙江农业学报, 2012, 24(04): 647-653.
JIANG L Y, XU F S, HUANG Z D, HUANG F, CHEN G Q, LI H Y. Occurrence and control of citrus melanose caused by *Diaporthe citri*. Acta Agriculturae Zhejiangensis, 2012, 24 (4): 647-653. (in Chinese)
- [11] 陈国仁. 福建:顺昌县切实做好柑桔病虫害综合防治[J]. 中国果业信息, 2017, 34(06): 47.
CHEN G R. Fujian: Shunchang County has effectively done a good job in comprehensive control of citrus diseases and pests. China Fruit News, 2017, 34 (06): 47. (in Chinese)
- [12] 雷斌, 易图永, 何可佳. 柑桔砂皮病研究进展[J]. 现代园艺, 2018, (03): 17-18.
LEI B, YI T Y, HE K J. Research progress on citrus sand-skin-like disease. Contemporary Horticulture, 2018, (03): 17-18. (in Chinese)
- [13] 何永林, 黄晓琴, 黎起秦, 陆温, 林纬, 袁高庆. 柑桔砂皮病菌鉴定及室内药剂筛选试验[J]. 广东农业科学, 2019, 46(11): 92-97.
HE Y L, HUANG X Q, LI Q Q, LU W, LIN W, YUAN G Q. Pathogenic identification of Citrus melanose and indoor screening of fungicides. Guangdong Agricultural Sciences, 2019, 46 (11): 92-97. (in Chinese)
- [14] 马靖艳. 柑桔砂皮病防控技术[J]. 林业与生态, 2020, (10): 38.
MA J Y. Citrus sand-skin disease prevention and control technology. Forestry and Ecology, 2020, (10): 38. (in Chinese)
- [15] BACH W J and WOLF F A. The isolation of the fungus that causes citrus melanose and the pathological anatomy of the host[J]. Journal of Agricultural Research, 1928, 37(4): 243-252.
- [16] XIONG T, ZENG Y, WANG W, LI P, GAI Y, JIAO C, ZHU Z, XU J, LI H. Abundant genetic diversity and extensive differentiation among geographic populations of the citrus pathogen *Diaporthe citri* in Southern China[J]. Journal of Fungi, 2021, 7: 749.
- [17] LIU H, WANG X, LIU S M, HUANG Y, GUO Y X, XIE W Z, LIU H, QAMAR M T U, XU Q, CHEN L. Citrus pan-genome to breeding database (CPBD): A comprehensive genome database for citrus breeding[J]. Molecular plant, 2022, 15(10): 1503-1505.
- [18] WU G A, PROCHNIK S, JENKINS J W, SALSE J, HELLSTEN U, MURAT F, PERRIER X, RUIZ M, SCALABRIN S, TEROL J, TAKITA M A, LABADIE K, POULAIN J, COULOUX A, JABBARI K, CATTONARO F, FABBRO C D, PINOSIO S, ZUCCOLO A, CHAPMAN J, GRIMWOOD J, TADEO F R, ESTORNELL L H, MUÑOZ-SANZ J V, Ibanez V, HERRERO-ORTEGA A, ALEZA P, PÉREZ-PÉREZ J, RAMÓN D, BRUNEL D, LURO F, CHEN C, FARMERIE W G, DESANY B A, KODIRA C D, MOHIUDDIN M, HARKINS T T, FREDRIKSON K M, BURNS P, LOMSADZE A, BORODOVSKY M, REFORGIATO G, FREITAS-ASTÚA J, QUÉTIER F, NAVARRO L, ROOSE M, WINCKER P, SCHMUTZ J, MORGANTE M, MACHADO M A, TALÓN M, JAILLON O, OLLITRAULT P, GMITTER F G, ROKHSAR D S. Sequencing of diverse mandarin, pummelo and orange genomes reveals complex history of admixture during citrus domestication[J]. Nature biotechnology, 2014, 32(7): 656-662.
- [19] LI Q, QI J, QIN X, DOU W, LEI T-G, HU A, JIA R, JIANG G, ZOU X, LONG Q, XU L, PENG A, YAO L, CHEN S, HE Y. CitGVD: a comprehensive database of citrus genomic variations[J]. Horticulture Research, 2020, 7: 12.
- [20] WU G A, TEROL J, IBANEZ V, LÓPEZ-GARCÍA A, PÉREZ-ROMÁN E, BORREDÁ C, DOMINGO C, TADEO F R, CARBONELL-CABALLERO J, ALONSO R, CURK F, DU D, OLLITRAULT P, ROOSE M, DOPAZO J, GMITTER F G, ROKHSAR D S, TALÓN M. Genomics of the origin and evolution of Citrus[J]. Nature, 2018, 554: 311-316.
- [21] GAI Y, XIONG T, XIAO X, LI P, ZENG Y, LI L, RIELY B K, LI H. The genome sequence of the Citrus melanose pathogen *diaporthe citri* and two Citrus related *Diaporthe* species[J]. Phytopathology, 2021, 111(5): 779-783.
- [22] LIU X Y, CHAISIRI C, LIN Y, YIN W, LUO C. Whole-genome sequence of *Diaporthe citri* isolate NFHF-8-4, the causal agent of citrus melanose[J]. Molecular plant-microbe interactions, 2021, 34(7): 845-847.
- [23] UDAYANGA D, CASTLEBURY L A, ROSSMAN A Y, HYDE K D. Species limits in *Diaporthe*: molecular re-assessment of *D. citri*, *D. cytospora*, *D. foeniculina* and *D. rudis*[J]. Persoonia, 2014, (32): 83-101.
- [24] MONDAL S N, VICENT A, REIS R F, TIMMER L W. Saprophytic colonization of citrus twigs by *Diaporthe citri* and

- factors affecting pycnidial production and conidial survival[J]. *Plant Disease*, 2007, 91(4): 387-392.
- [25] 陈龙国, 林燕. 临海涌泉柑橘黑点病发生与防治措施[J]. *浙江柑橘*, 2012, 29(4): 22-23.
CHEN L G, LIN Y. Occurrence and prevention measures of citrus melanose in Yongquan town, Linhai city. *Zhejiang Ganju*, 2012, 29 (4): 22-23. (in Chinese)
- [26] 郭鄂平, 陆学忠, 杨树国, 王娅. 十堰市柑桔树脂病的发生特点与综合防治[J]. *中国南方果树*, 2013, 42(02): 94-95.
GUO E P, LU X Z, YANG S G, WANG Y. Occurrence characteristics and comprehensive prevention and control of citrus melanose in Shiyan City. *South China Fruits*, 2013, 42 (02): 94-95. (in Chinese)
- [27] CHAISIRI C, LIU X Y, LIN Y, LUO C L. *Diaporthe citri*: A fungal pathogen causing melanose disease[J]. *Plants*, 2022, 11: 1600.
- [28] MAHADEVAKUMAR S, YADAV V, TEJASWINI G S, SANDEEP S N, JANARDHANA G R. First report of *Phomopsis citri* associated with dieback of citrus lemon in India[J]. *Plant disease*, 2014, 98(9): 1281-1281.
- [29] CHAISIRI C, LIU X Y, LIN Y, LI J B, XIONG B, LUO C X. Phylogenetic analysis and development of molecular tool for detection of *Diaporthe citri* causing melanose disease of Citrus[J]. *Plants*, 2020, 9(3): 329.
- [30] 杨蕾, 杨海健, 张云贵, 周心智, 洪林. 重庆地区柑橘主要病害及其防治技术要点[J]. *南方农业*, 2018, 12(25): 31-34.
YANG L, YANG H J, ZHANG Y G, ZHOU X Z, HONG L. Major diseases in citrus and their prevention and control techniques in Chongqing. *South China Agriculture*, 2018, 12 (25): 31-34. (in Chinese)
- [31] 卓敏华, 丁宝, 林雪静. 柑桔砂皮病防治技术[J]. *现代园艺*, 2018, 361(13): 147.
ZHUO M H, DING B, LIN X J. Prevention and control technology of citrus melanose. *Contemporary Horticulture*, 2018, 361 (13): 147. (in Chinese)
- [32] 刘旭, 刘虹伶, 杨永利, 何高春. 四川柑橘树主要病虫害发生危害现状和防控对策[J]. *四川农业科技*, 2017, (04): 29-31.
LIU X, LIU H L, YANG Y L, HE G C. Occurrence and prevention and control countermeasures of major diseases and pests of citrus trees in Sichuan. *Sichuan Agricultural Science and Technology*, 2017, (04): 29-31. (in Chinese)
- [33] 蒋飞, 张喜喜, 肖小娥, 李红叶, 祝增荣. 上海柑橘黑点病田间流行与降雨关系研究[J]. *植物保护*, 2022, 48(02): 139-144+156.
JIANG F, ZHANG X X, XIAO X E, LI H Y, ZHU Z R. Relationship between citrus melanose and precipitation in Shanghai. *Plant Protection*, 2022, 48 (02): 139-144+156. (in Chinese)
- [34] GOMES R R, GLIENKE C, VIDEIRA S I, L L, GROENEWALD J Z, CROUS P W. *Diaporthe*: a genus of endophytic, saprobic and plant pathogenic fungi[J]. *Persoonia*, 2013, 31: 1-41.
- [35] 王先洪, 姜佳琦, 洪霓, 王国平. 贵州梨芽枯间座壳菌属 *Diaporthe* 的种类[J]. *菌物学报*, 2022, 41(08): 1151-1164.
WANG X H, JIANG J Q, HONG N, WANG G P. *Diaporthe* species causing pear bud witherings in Guizhou, Southwest China. *Mycosystema*, 2022, 41 (08): 1151-1164. (in Chinese)
- [36] ZHANG Q, YU C L, LI G F, WANG C X. First report of *Diaporthe eres* causing twig canker on *Zizyphus jujuba* (Jujube) in China[J]. *Plant Disease*, 2018, 102(7): 1458.
- [37] 柴思睿. 中国江西省柑桔黑点病菌种群结构研究[D]. 华中农业大学, 2018.
CHAI S R. Characterization of the populations of *Diaporthe* species on citrus in Jiangxi province, China[D]. Wuhan: Huazhong Agricultural University, 2018.
- [38] HUANG F, HOU X, DEWDNEY M M, FU Y S, CHEN G Q, HYDE K D, LI H Y. *Diaporthe* species occurring on citrus in China[J]. *Fungal Diversity*, 2013, 61(1): 237-250.
- [39] DISSANAYAKE A. The current status of species in *Diaporthe*[J]. *Mycosphere*, 2017, 8(5): 1106-1156.
- [40] CUI M J, WEI X, XIA P L, YI J, YU Z H, DENG J X, LI Q L. *Diaporthe taoicola* and *D. siamensis*, two new records on *Citrus sinensis* in China[J]. *Mycobiology*, 2021, 49(3): 267-274.
- [41] UDAYANGA D, LIU X, CROUS P W, MCKENZIE E H C, CHUKEATIROTE E, HYDE K D. A multi-locus phylogenetic evaluation of *Diaporthe* (*Phomopsis*)[J]. *Fungal Diversity*, 2012, 56(1): 157-171.
- [42] FARR D F, CASTLEBURY L A, ROSSMAN A Y. Morphological and molecular characterization of *Phomopsis vaccinii* and additional isolates of *Phomopsis* from blueberry and cranberry in the eastern United States[J]. *Mycologia*, 2002, 94(3): 494-504.
- [43] FARR D F, CASTLEBURY L A, ROSSMAN A Y, PUTNAM M L. A new species of *Phomopsis* causing twig dieback

- of *Vaccinium vitis-idaea* (lingonberry)[J]. *Mycological Research*, 2002, 106(6): 745-752.
- [44] 赖宝春, 姚锦爱. 蜜柚间座壳黑点病菌 (*Diaporthe citri*) LAMP 可视化检测技术的建立[J]. *福建农业学报*, 2022, 37(11): 1470-1475.
- LAI B C, YAO J A. Establishment of a LAMP assay for rapid detecting *Diaporthe citri* on pomelo. *Fujian Journal of Agricultural Sciences*, 2022, 37 (11): 1470-1475. (in Chinese)
- [45] 曾雅婷, 熊桃, 李红叶. 柑橘黑点病菌(*Diaporthe citri*)快速分子检测技术[J]. *浙江农业学报*, 2022, 34(07): 1457-1465.
- ZHENG Y T, XIONG T, LI H Y. Rapid molecular detection of *Diaporthe citri*, the pathogen of citrus melanose. *Acta Agriculturae Zhejiangensis*, 2022, 34 (07): 1457-1465. (in Chinese)
- [46] 熊桃. 柑橘间座壳菌的群体遗传结构和有性生殖研究[D]. 浙江大学, 2021.
- XIONG T. Population genetic structure and sexual reproduction of *Diaporthe citri*[D]. Hangzhou: Zhejiang University, 2021. (in Chinese)
- [47] 蒲占滔, 朱莉, 牡丹超, 胡秀荣, 鹿连明, 黄振东. 基于超高效液相色谱-串联质谱技术的柑橘黑点病菌(*Diaporthe citri*)发育关联代谢物分析[J]. *微生物学报*, 2023, 63(06): 2472-2487.
- PU Z X, ZHU L, DU D C, HU X R, LU L M, HUANG Z D. Development-associated metabolites of *Diaporthe citri*: a metabolomics analysis based on UPLC-MS/MS. *Acta Microbiologica Sinica*, 2023, 63 (06): 2472-2487. (in Chinese)
- [48] 方天露. 柑橘砂皮病菌的分离鉴定及生物学特性研究[D]. 湖南农业大学, 2017.
- FANG T L. Isolation, identification and biological characteristics of *Diaporthe citri*[Master' Degree Dissertation]. Changsha: Hunan Agricultural University, 2017. (in Chinese)
- [49] GUARNACCIA V, CROUS W. Species of *Diaporthe* on *Camellia* and *Citrus* in the Azores Islands[J]. *Phytopathologia Mediterranea*, 2018, 57(2): 307-319.
- [50] HONG S J, YUN, SUNG-CHUL. Effects of dryness, moisture interruption, and temperature on germination of *Diaporthe citri* pycnidiospores on Yuzu[J]. *Research in Plant Disease*, 2018, 24(2): 132-137.
- [51] GOPAL K, LAKSHMI L M, SARADA G, NAGALAKSHMI T, SANKAR T G, GOPI V, RAMANA K T V. Citrus Melanose (*Diaporthe citri* Wolf): A Review[J]. *Int.J.Curr.Microbiol.App.Sci*, 2014 3(4): 113-124.
- [52] KO Y J, KANG S Y, JEUN Y C. Suppression of Citrus melanose on the leaves treated with Rhizobacterial strains after inoculation with *Diaporthe citri*[J]. *Research in Plant Disease*, 2012, 18(4): 331-337.
- [53] LI P, ZHU Z R, ZHANG Y, XU J, WANG H, WANG Z, LI H. The phyllosphere microbiome shifts toward combating melanose pathogen[J]. *Microbiome*, 2022, 10: 56.
- [54] BATUMAN O, RITENOUR M, VICENT A, LI H, HYUN J W, CATARA V, MA H, AND CANO L M. Chapter 17 - Diseases caused by fungi and oomycetes[M]. Woodhead Publishing, 2020.
- [55] 殷恭毅, 刘克均, 魏大为. 柑桔枝干皮层及叶片组织内潜伏侵染病菌的调查研究[J]. *南京农业大学学报*, 1981, (4): 54-61.
- YIN G Y, LIU K J, WEI D W. Investigation of latent infection of pathogenic fungi in the tissues of citrus trunks, twigs and leaves. *Journal of Nanjing Agricultural College*, 1981, (4): 54-61. (in Chinese)
- [56] BAHGAT M. The action of *Phomopsis californica* in producing a stem-end decay of citrus fruits[J]. *Hilgardia* 1928, 3(6): 153-181.
- [57] PRUSKY D, ALKAN N, MENGISTE T, FLUHR R. Quiescent and necrotrophic lifestyle choice during postharvest disease development[J]. *Annual Review of Phytopathology*, 2013, 51(1): 155-176.
- [58] DAVIS R M, WILHITE H S. Relationships between melanose incidence and dead wood in Texas grapefruit[J]. *J. Rio Grande Val. Hortic. Soc.*, 1983, 36: 41-49.
- [59] 姜丽英, 徐法三, 黄振东, 黄峰, 陈国庆, 李红叶. 柑橘黑点病的发病规律和防治[J]. *浙江农业学报*, 2012, 24(4): 647-653.
- JIANG L Y, XU F S, HUANG Z D, HUANG F, CHEN G Q, LI H Y. Occurrence and control of citrus melanose caused by *Diaporthe citri*. *Acta Agriculturae Zhejiangensis*, 2012, 24 (4): 647-653. (in Chinese)
- [60] KIM K H, KIM G H, SON K I, KOH Y J. Outbreaks of Yuzu dieback in Goheung Area: Possible causes deduced from weather extremes[J]. *The plant pathology journal*, 2015, 31(3): 290-298.
- [61] MONDAL S N, AGOSTINI J P, ZHANG L, TIMMER L W. Factors affecting pycnidium production of *Diaporthe citri* on detached Citrus twigs[J]. *Plant Disease*, 2004, 88(4): 379-382.

- [62] AGOSTINI J P, BUSHONG P M, BHATIA A, TIMMER L W. Influence of environmental factors on severity of citrus scab and melanose[J]. *Plant disease*, 2003, 87(9): 1102-1106.
- [63] 蒋飞, 吴丹丹, 张喜喜, 毛家南. 上海柑橘黑点病田间发生规律研究[J]. *浙江柑橘*, 2018, 35(02): 16-19.
- JIANG F, WU D D, ZHANG X X, MAO J N. Study on field occurrence regularity of citrus melanose in Shanghai. *Zhejiang Ganju*, 2018, 35 (02): 16-19. (in Chinese)
- [64] 金国强, 李永杰, 蒲占湑, 高恒锦, 黄振东. 浙江临海地区柑橘黑点病田间防治研究[J]. *浙江柑橘*, 2019, 36(02): 14-16.
- JIN G Q, LI Y J, PU Z X, GAO H J, HUANG Z D. Field control of citrus melanose in Linhai area, Zhejiang Province[J]. *Zhejiang Ganju*, 2019, 36 (02): 14-16. (in Chinese)
- [65] 莫开菊. 园艺作物采后病理学——对出口果品采后病害的控制方法(连载之三)[J]. *中国果品研究*, 1993, (2): 25-27.
- MO K J. Postharvest pathology of horticultural crops-- Methods for the control of postharvest diseases of export Fruits (series 3). *Chinese fruit research*, 1993, (2): 25-27. (in Chinese)
- [66] IDREES M, NAZ S, EHETISHAM-UL-HAQ M, MEHBOOB S, KAMRAN M, ALI S, IQBAL M. Protectant and curative efficacy of different fungicides against citrus melanose caused by *Phomopsis citri* under in vivo conditions[J]. *International Journal of Biosciences*, 2019, 15(2): 194-199.
- [67] ANWAR U, MUBEEN M, IFTIKHAR Y, ZESHAN M A, SHAKEEL Q, SAJID A, UMER M, AND ABBAS A. Efficacy of different fungicides against citrus melanose disease in Sargodha, Pakistan[J]. *Pakistan Journal of Phytopathology*, 2021, 33(1): 67-74.
- [68] 刘欣, 王明爽, 梅秀凤, 姜丽英, 韩国兴, 李红叶. 柑橘黑点病菌种群对代森锰锌的敏感性评价及其替代药剂的筛选[J]. *植物保护学报*, 2018, 45(02): 373-381.
- LIU X, WANG M S, MEI X F, JIANG L Y, HAN G X, LI H Y. Sensitivity evaluation of *Diaporthe citri* populations to mancozeb and screening of alternative fungicides for citrus melanose control. *Journal of Plant Protection*, 2018, 45 (02): 373-381. (in Chinese)
- [69] INUMA T. Decreasing the frequency of control of citrus melanose by using the fungicides Dithianon for satsuma mandarin cultivation[J]. *Annual Report of the Kansai Plant Protection Society*, 2014, 56: 85-87.
- [70] 李伟龙, 周晓肖, 郭巧慧, 李辞海, 李红叶. 烯肟·丙森锌等杀菌剂对柑橘黑点病的防治效果比较[J]. *中国果树*, 2020, (05): 98-102.
- LI W L, ZHOU X X, GUO Q H, LI C H, LI H Y. Comparison of the prevention and control effects of fungicides such as oxime and prosenzinc on citrus melanose. *China Fruits*, 2020, (05): 98-102. (in Chinese)
- [71] GRAHAM J H, DEWDNEY M M, AND MYERS M E. Streptomycin and copper formulations for control of citrus canker on grapefruit[J]. *Proceedings of the Florida State Horticultural Society*, 2010, 123: 92-99.
- [72] YOUNG M, OZCAN A, RAJASEKARAN P, KUMRAH P, MYERS M E, JOHNSON E, GRAHAM J H, SANTRA S. Fixed-Quat: An Attractive Nonmetal Alternative to Copper Biocides against Plant Pathogens[J]. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 2018, 66(50): 13056-13064.
- [73] LIU X Y, CHAISIRI C, LIN Y, FU Y, YIN W, ZHU F, LI J, XIONG B, WU H, XU A, LUO C. Effective management of Citrus melanose based on combination of Eco-friendly chemicals[J]. *Plant disease*, 2023, 107(4): 1172-1176.
- [74] 程小梅, 龚碧涯, 彭亚军, 孔佑涵, 肖伏莲, 李先信. 矿物油-杀菌剂联用防控柑橘砂皮病试验[J]. *中国果树*, 2020, (03): 84-86.
- CHENG X M, GONG B Y, PENG Y J, KONG Y H, XIAO F L, LI X X. Mineral oil-fungicide mixed for prevention and control of citrus melanose. *China Fruits*, 2020, (03): 84-86. (in Chinese)
- [75] 侯欣, 陈国庆, 王兴红, 朱丽, 李红叶. 3种柑橘病原真菌对苯醚菌酯和苯醚甲环唑敏感基线研究[J]. *浙江大学学报(农业与生命科学版)*, 2013, 39(01): 62-68.
- HOU X, CHEN G Q, WANG X H, ZHU L, LI H Y. Baseline sensitivities of three fungal pathogens of citrus to strobilurin fungicide and difenoconazole.. *Journal of Zhejiang University (Agric. & Life Sci.)*, 2013, 39 (01): 62-68. (in Chinese)
- [76] MONDAL S N, ALKA B, TURKSEN S, TIMMER L W. Baseline sensitivities of fungal pathogens of fruit and foliage of citrus to azoxystrobin, pyraclostrobin, and fenbuconazole[J]. *Plant Disease*, 2005, 89(11): 1186-1194.
- [77] BUSHONG P M, TIMMER L W. Evaluation of postinfection control of Citrus scab and melanose with benomyl, fenbuconazole, and azoxystrobin[J]. *Plant disease*, 2000, 84 (11): 1246-1249.
- [78] MONDAL S N, VICENT A, REIS R F, TIMMER L W. Efficacy of pre- and postinoculation application of fungicides to

- expanding young citrus leaves for control of melanose, scab, and alternaria brown spot[J]. *Plant Disease*, 2007, 91(12): 1600-1606.
- [79] Iqbal M, Naz S, Mehboob S, Idrees M. In vitro management of citrus melanose caused by *Phomopsis citri* through commercially available fungicides[J]. *Int. J. Biosci*, 2019, 14(6): 179-183.
- [80] 赵霞, 席亚东, 夏丽娟. 4种吡唑醚菌酯复配剂对柑橘砂皮病的田间防效[J]. *现代农药*, 2022, 21(02): 65-68.
ZHAO X, XI Y D, XIA L J. Control effects of 4 types of pyraclostrobin mixtures on citrus melanose. *Modern Agrochemicals*, 2022, 21 (02): 65-68. (in Chinese)
- [81] 张斌, 李伟龙, 吴群, 吕靖雯, 李红叶. 氟啶胺防治柑橘黑点病效果评价[J]. *植物保护*, 2020, 46(01): 279-284.
ZHANG B, LI W L, WU Q, LVU J W, LI H Y. 2020. Evaluation of the effectiveness of fluazinam against citrus black spot. *Plant Protection*, 2020, 46 (01): 279-284. (in Chinese)
- [82] NARCISO J A, WIDMER W W, FERENCÉ C M, RITENOUR M A, DIAZ R S. Use of carnauba based carrier for copper sprays reduces infection by *Xanthomonas citri* subsp. *citri* and *Diaporthe citri* in Florida commercial grapefruit groves[J]. *Agricultural sciences*, 2012, 3: 962-970.
- [83] WHITESIDE J O. Sites of action of fungicides in the control of citrus melanose[J]. *Phytopathology*, 1977, 67(8): 1067-1072.
- [84] KO Y J, KIM J S, KIM K D, JEUN Y C. Microscopical observation of inhibition-behaviors against *Diaporthe citri* by pre-treated with *Pseudomonas putida* strain THJ609-3 on the leaves of citrus plants[J]. *Journal of microbiology*, 2014, 52(10): 879-883.
- [85] NNAM M H, SHIN J H, CHOI J P, HONG S I, KIM Y G, KIM H T. Identification of Rhizo-bacterium inhibiting *Diaporthe citri* causing citrus melanose[J]. *Journal of Pesticide Science*, 2009, 13(4).
- [86] SHIN Y H, KO E J, KIM S J, HYUN H N, JEUN Y C. Suppression of melanose caused by *Diaporthe citri* on citrus leaves pretreated with Bio-sulfur[J]. *The Plant Pathology Journal*, 2019, 35(5): 417-424.
- [87] LEE D R, MAUNG C E H, CHOI T G, KIM K Y. Large scale cultivation of *Bacillus velezensis* CE 100 and effect of its culture on control of citrus melanose caused by *Diaporthe citri*[J]. *Korean Journal of Soil Science and Fertilizer*, 2021, 54(3): 297-310.
- [88] LEE D R, CHAW E H M, AJUNA H B, KIM K Y. Effect of large-scale cultivation of *Bacillus amyloliquefaciens* Y1 using fertilizer based medium for control of Citrus melanose causing *Diaporthe citri*[J]. *Korean Journal of Soil Science and Fertilizer*, 2019, 52(2): 84-92.
- [89] 李审微, 洪艳云, 李新文, 何可佳, 戴良英, 卢晓鹏, 宋娜, 易图永. 枯草芽孢杆菌 M-23 对柑橘砂皮病防效及柑橘叶际细菌群落多样性的影响[J]. *南方农业学报*, 2020, 51(07): 1699-1705.
LI S W, HONG Y Y, LI X W, HE K J, DAI L Y, LU X P, SONG N, YI T Y. Effects of *Bacillus subtilis* M-23 on *Diaporthe citri* and diversity of bacterial community in the citrus phyllosphere. *Journal of Southern Agriculture*, 2020, 51 (07): 1699-1705. (in Chinese)
- [90] 刘常利. 柑橘黑点病生防菌筛选、鉴定和制剂开发[D]. 浙江大学, 2021.
LIU C L. Biocontrol fungi screening, identification & formulation development for citrus melanose[D]. Hangzhou: Zhejiang University, 2021. (in Chinese)
- [91] 曾蓉, 陆金萍, 张学英, 叶正文, 戴富明. 农业和化学措施对柑橘树脂病和炭疽病的协同控制作用[J]. *上海农业学报*, 2010, 26(4): 26-30.
ZHENG R, LU J P, ZHANG X Y, YE Z W, DAI F M. Synergistic effects of agronomic and chemical measures on controlling citrus melanosis and anthracnose. *Acta Agriculturae Shanghai*, 2010, 26 (4): 26-30. (in Chinese)
- [92] AGOSTINI J P, BUSHONG P M, TIMMER L W. Greenhouse evaluation of products that induce host resistance for control of scab, melanose, and alternaria brown spot of Citrus[J]. *Plant Disease*, 2003, 87(1): 69-74.
- [93] 周娜, 胡军华, 姚廷山, 王雪莲, 王娟, 彭凤格, 洪棋斌, 江东. 柑橘种质抗柑橘蒂腐病菌扩展能力的评价[J]. *园艺学报*, 2015, 42(10): 1889-1898.
ZHOU N, HU J H, YAO T S, WANG X L, WANG J, PENG F G, HONG Q B, JIANG D. Evaluation of anti-expansion capacity of different Citrus germplasm against *Diaporthe citri*. *Acta Horticulturae Sinica*, 2015, 42 (10): 1889-1898. (in Chinese)

广西芒果主要细菌性病害病原菌鉴定、药剂敏感性测定及抗病材料筛选

陈小林, 孙秋玲, 黄穗萍, 唐利华, 郭堂勋, 李其利*

(广西壮族自治区农业科学院植物保护研究所/农业农村部华南果蔬绿色防控重点实验室/广西作物病虫害生物学重点实验室, 广西南宁 530007)

摘要: 芒果 *Mangifera indica* L. 是我国著名的热带水果, 近年来细菌性病害发生严重。2020 年-2021 年对广西百色地区的芒果病害进行调查发现, 芒果上一种细菌性坏死病与细菌性黑斑病混合发生, 一般发病率 30%~60%, 严重可达 90% 以上。本研究先后从该地区不同芒果坏死病组织中分离得到 36 株细菌。根据形态、生理生化特性、16S rDNA 序列分析, 其中 15 株细菌鉴定为柑橘溃疡病菌芒果致病变种 (*Xanthomonas citri* pv. *mangiferaeindicae*), 另外 21 株细菌鉴定为泛菌 (*Pantoea* spp.)。进一步对 21 株泛菌的 *fusA*、*gyrB*、*leuS*、*pyrG*、*rlpB* 和 *rpoB* 多基因进行系统发育分析和致病性测定, 将其分别鉴定为 *Pantoea vagans*、*P. anthophila*、*P. dispersa* 和 *P. cypripedii*。这是中国首次报道由 *P. anthophila*、*P. dispersa* 和 *P. cypripedii* 引起芒果坏死病。测定上述 1 种芒果细菌性黑斑病菌和 4 种芒果细菌性坏死病菌对 12 种杀菌剂的药剂敏感性。结果表明, 5 种芒果病原细菌对 12 种杀菌剂的敏感性存在显著差异, 其中所有测试菌株对丙硫唑和四霉素敏感性最强, 噻霉酮、乙蒜素、中生菌素和辛菌胺醋酸盐次之, 病原菌对铜制剂和噻唑锌的敏感性最弱。对 50 份芒果种质资源的细菌性黑斑病和坏死病抗性水平进行评价。结果表明, 50 份芒果种质资源中, 缅甸球芒对细菌性黑斑病表现为中抗, 海豹芒、龙芒等 49 份材料及品种表现为感病; 76 号和白象牙对细菌性坏死病表现为抗病, 43 号、9 号等 34 份材料及品种表现为中抗, 28 号、金百花等 14 份表现为感病; 对两种病害均达中抗以上水平的仅缅甸球芒。结果为进一步研究广西芒果主要细菌性病害的发生流行奠定基础, 为制定有效的防控策略提供理论依据。

关键词: 芒果细菌性黑斑病; 芒果细菌性坏死病; 病原菌鉴定; 药剂敏感性; 抗病评价

中图分类号: S482.2

文献标识码: A

Identification and sensitivity detection to bactericides of the pathogens of major diseases in Guangxi, and screening of mango resistant materials

CHEN Xiaolin, SUN Qiuling, Huang Suiping, TANG Lihua, GUO Tangxun, LI Qili*

(Institute of Plant Protection, Guangxi Academy of Agricultural Sciences, Key Laboratory of Green Prevention and Control on Fruits and Vegetables in South China Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Guangxi Key Laboratory of Biology for Crop Diseases and Insect Pests, Nanning 530007, China)

Abstract: *Mangifera indica* L. is one of the most famous fruits in China. Bacterial disease has been occurring seriously in recent years. A bacterial necrotic disease mixed with bacterial black spot disease on mango were observed, with incidence rate 30%-60%, even up to 90%, in our investigation of mango disease in Baise, Guangxi during 2020 to 2021. Thirty-six bacterial

收稿日期: 2023-08-9

基金项目: 广西自然科学基金项目 (2022GXNSFAA035438); 广西农业科学院科技发展基金项目 (桂农科 2022JM41); 广西作物病虫害生物学重点实验室基金项目 (20-065-30-ST-06)

作者简介: 陈小林, 女, 博士, 副研究员, 研究方向: 植物细菌病害及其防治研究, E-mail: 56297244@qq.com。*通信作者 (Corresponding author): 李其利 (LI Qili), E-mail: 65615384@qq.com

isolates were obtained from the mango necrotic tissues of the region successively in this study. Fifteen bacterial isolates were classified as *Xanthomonas citri* pv. *mangiferaeindicae*, and twenty-one another bacterial isolates were identified as *Pantoea* spp. based on the morphology, physio-biochemical characteristics, 16S rDNA sequences analysis. Furtherly, the 21 bacterial isolates were identified as four species: *P. vagans*, *P. anthophila*, *P. dispersa* and *P. cyripedii* based on the *fusA-gyrB-leuS-pyrG-rlpB-rpoB* concatenated sequence phylogenetic tree analysis and pathogenicity test. This is the first report of necrotic disease caused by *P. anthophila*, *P. dispersa* and *P. cyripedii* in mango in China. The sensitivity of *X. citri* pv. *mangiferaeindicae* and four causal agent (*pantoea* spp.) to 12 bactericides was tested. The result revealed that the sensitivity of five pathogenic bacteria of mango to 12 bactericides was significantly different. Among them, all tested bacterial strains exhibited the most sensitive to albendazole and tetracycline, followed by benziotiazolinone, ethylicin, zhongshengmycin and xinjunan acetate, while were the least sensitive to copper bactericides and zinc thiazole in vitro. The resistance level of 50 mango germplasms to both the bacterial black spot and necrotic diseases was evaluated by infiltration with sterile needleless syringes in this study. The results showed that among 50 mango germplasms, Myanmar Qiu Mango showed moderate resistance to bacterial black spot, while 49 other germplasms and varieties such as Hai Bao Mango and Long Mango showed susceptibility. No.76 and Bai Xiang Ya showed resistance to bacterial necrosis, 34 germplasm and varieties such as Mango No. 43 and Mango No. 9 showed moderate resistance, and 14 varieties such as Mango No. 28 and Jin Bai Hua Mango showed susceptibility. Myanmar Qiu Mango was the only one with moderate resistance to both diseases. The results would lay the foundation for studying the occurrence and prevalence of the major diseases of mango in Guangxi, and provide a theoretical basis for agro-chemicals control of mango bacterial diseases.

Key words: mango bacterial black spot; mango bacterial necrosis; pathogen identification; sensitivity to bactericides; resistance evaluation

芒果 *Mangifera indica* L.是著名的热带果树,主要种植于印度、中国和泰国等热带和亚热带国家^[1-2]。2020年广西芒果种植面积 11.2 万 hm²,产量近 95 万 t,为我国第一大芒果产区^[3]。随着品种结构改变和气候变化,芒果细菌性病害发生日益增多,近年呈加重趋势,严重影响芒果产量和品质,制约广西芒果产业健康发展^[4]。

已报道引起芒果细菌性病害的病原菌,主要包括引起芒果细菌性黑斑病(又称芒果细菌性角斑病)的柑橘黄单胞菌芒果致病变种 *Xanthomonas citri* pv. *mangiferaeindicae*^[5-6]、引起芒果细菌性顶端坏死病的丁香假单胞菌 *Pseudomonas syringae* pv. *syringae*^[7]、引起芒果叶斑病的树生黄单胞菌 *X. arboricola*^[8]、引起芒果细菌性干枯病的血红鞘氨醇单胞菌 *Sphingomonas sanguinis*^[9-10]和引起芒果细菌性坏死病的泛菌属细菌 *Pantoea ananatis*^[11]、*P. agglomerans*^[12] 和 *P. vangs*^[13]等种类。

2020年-2021年对广西芒果主产地百色田东县、田阳县、右江区和田林县不同果园的病害进行调查,发现芒果上发生一种类似于细菌性黑斑病的坏死病,两者常混合发生,一般株发病率 30%~60%,严重时可达 90%以上。为此,本研究对田间采集的病害样品进行病原菌分离纯化和多基因系统发育分析和致病性测定,并测定病原菌对不同杀菌剂的药剂敏感性以及对 50 份芒果种质资源对病原菌的抗性进行评价,旨在明确广西主要细菌性病害病原菌种类及其对杀菌剂的敏感性和获得抗病材料,为深入研究其病害发生规律和防治技术提供依据。

1 材料与amp;方法

1.1 材料

供试病害样品:2020年-2021年在广西芒果主产地百色地区不同种植区(田东县、田林县、田阳县和右江区)采集不同品种芒果上类似细菌性病害的样品。

供试芒果种质资源:芒果种质资源 50 份,由广西百色国家农业科技园区芒果种质资源圃提供。接种叶片为转绿期淡绿色叶片。

LB培养基:酵母提取物 5 g、胰蛋白胨 10 g、NaCl 10 g,超纯水 1000 mL, pH=7,固体培养基加琼脂粉 15 g/L。

供试药剂:46%氢氧化铜水分散粒剂,美国杜邦公司;3%噻霉酮微乳剂,江苏辉丰生物农药股份有限公司;4%春雷霉素水剂,陕西麦可罗生物科技有限公司;50%王铜可湿性粉剂,江西禾益化工股份有限公司;30%琥胶肥酸铜可湿性粉剂,黑龙江省齐齐哈尔四友化工有限公司;1.2%辛菌胺醋酸盐水剂,山东胜邦绿野化学有限公司;3%中生菌素可湿性粉剂,福建凯立生物制品有限公司;50%氯溴

异氰尿酸可溶粉剂, 南京南农农药科技发展有限公司; 0.3%四霉素水剂, 辽宁微科生物工程股份有限公司; 80%乙蒜素乳油, 开封大地农化生物科技有限公司; 20%丙硫唑悬浮剂, 贵州道元生物技术有限公司; 20%噻唑锌悬浮剂, 浙江新农化工股份有限公司。

1.2 方法

1.2.1 病原菌的分离与纯化

选取叶片或果实病样, 切取病健交界处组织 (5 mm × 5 mm), 75%乙醇浸泡 10 s, 2%次氯酸钠浸泡 1 min, 灭菌水冲洗 3 次, 置于研钵中, 加入少量石英砂和 1 mL 灭菌水, 进行充分研磨, 吸取 100 μL 上清至分装有 900 μL 灭菌水的 1.5 mL 离心管进行系列梯度稀释后, 吸取 10-3 ~ 10-64 个梯度各 100 μL 涂布于 LB 固体平板上, 28℃恒温培养箱中培养, 每份样品选择不同菌落形态的代表性菌株 1 株进行保存。

1.2.2 菌株的分子生物学鉴定

将分离菌株在 LB 液体培养基中培养 24 h, 采用细菌基因组 DNA 提取试剂盒 (北京天根生化科技有限公司) 提取菌株总 DNA。利用细菌 16S rDNA 的通用引物 27F (5'-GAGTTTGATCCTGGCTCAG-3') 和 1492R (5'-CGGCTACCTTGTACGACTT-3') 对 36 株供试菌株基因组 DNA 进行 PCR 扩增^[14]。20 μL PCR 反应体系: 2× PCR buffer (plus Mg²⁺) 10 μL、dNTPs (2.5 mmol/L) 0.5 μL、DNA 模板 1 μL、上游引物 (10 μmol/L) 1 μL、下游引物 (10 μmol/L) 1 μL、Taq 酶 (5 U/μL) 0.1 μL, ddH₂O 6.4 μL。PCR 反应条件为 94℃预变性 3 min; 94℃变性 45 s, 57℃退火 45 s, 72℃延伸 1 min, 共 35 个循环; 72℃延伸 5 min。泛菌多位点序列包括延伸因子 EF-G 基因 (*fusA*)、DNA 促旋酶基因 (*gyrB*)、亮氨酸 tRNA 合成酶基因 (*leuS*)、CTP 合成酶基因 (*pyrG*)、脂蛋白基因 (*rplB*) 和 RNA 聚合酶 β 亚基基因 (*rpoB*) 的扩增引物信息、退火温度及扩增产物大小见表 1^[15]。PCR 扩增产物用 1.2%琼脂糖凝胶检测条带后, 产物送生工生物工程 (上海) 股份有限公司测序。测序结果提交 NCBI 在线网站进行同源比对, 使用 Mega X 的最大似然法构建系统发育树, 确定近缘细菌菌株的分类地位。

表 1 用于扩增泛菌的引物及其序列

Table 1 The primers and sequences for amplification of *Pantoea* spp.

基因 Gene	引物(5'-3') Primer (5'-3')	退火温度/℃ Annealing temperature	片段长度/bp Fragment length
<i>leuS</i>	CAGACCGTGCTGGCCAACGARCARGT CGGCGCGCCCCARTARCCT	60/50	642
<i>fusA</i>	CATCGGTATCAGTGCKCACATCGA CAGCATCGCCTGAACRCCTTTGTT	60/50	633
<i>gyrB</i>	GCGTAAGCGCCCGGTATGTA CCGTTCGACGTCCGCATCGGTCAT	60/50	417
<i>pyrG</i>	GGGGTCGTATCCTCTCTGGGTAAGG GGAACGGCAGGGATTCGATATCNCKA	60/50	306
<i>rplB</i>	CAGTTGTTGAACGTCTTGAGTACGATCC CACCACCACCATGYGGGTGRTC	60/50	333
<i>rpoB</i>	GGCGAAATGGCWGAGAACCA GAGTCTTCGAAGTTGTAACC	50	501

1.3.3 形态与生理生化特性鉴定

将分离菌株接种于 LB 固体培养基上, 28℃培养 2 d, 观察菌落形态、大小、颜色、表面及边缘形态、透明度等特征; 对细菌进行革兰氏染色, 观察染色结果。参照《伯杰氏细菌鉴定手册》(第八版) 进行生理生化特性测定: 3%耐盐性、氧化酶和过氧化氢酶活性、硝酸盐还原试验、淀粉水解、明胶液化、硫化氢的产生以及碳源 (蔗糖、D-果糖、葡萄糖、α-半乳糖、麦芽糖和甘露醇) 利用等。

1.2.4 菌株的致病性测定

每个种选取代表性菌株 1 株进行致病性测定。将菌株接种于 LB 液体培养基 28℃培养过夜, 收集

菌体, 无菌水重悬并调节 $OD_{600}=0.1$ 。选取‘玉文’芒果新梢上的健康叶片, 用无菌注射器针头对叶片进行轻微刺伤后, 将灭菌脱脂棉蘸取菌液接种于叶片背面, 28°C 保湿培养 48 h。接种芒果细菌性黑斑病菌作为阳性对照, 无菌水作为空白对照。定时观察记录发病情况。采用相同的方法对‘玉文’芒果果实进行离体接种测定菌株致病性。果实接种前依次用 75%乙醇清洗 10 s, 2%次氯酸钠 1 min, 无菌水清洗 3 次, 晾干, 然后采用无菌注射器针头对 4 个位置进行刺伤, 每个位置刺伤 8 个伤口, 将灭菌脱脂棉蘸取菌液接种于刺伤位置, 28°C 保湿培养 48 h。对接种发病的芒果组织进行病原菌再分离、纯化与鉴定, 完成柯赫氏法则验证。空白对照采用同样的方法进行处理。

1.2.5 病原菌对不同杀菌剂的敏感性测定

采用琼脂扩散法进行抑菌试验^[16], 略有改动。将 LB 培养基上培养 24~48 h 的供试菌株用无菌水洗脱, 配制成浓度为 1×10^8 CFU/mL 的菌悬液, 与冷却至 50°C 的 LB 培养基按照 1: 20 体积比混匀后制成含菌的 LB 培养基, 用 8 mm 打孔器在含菌培养基中央打孔。将每种供试杀菌剂按照商品最高和最低推荐剂量设置中间剂量, 然后分别上下浮动 1~2 个剂量配置成 3~5 个不同浓度, 用移液枪吸取 100 μL 不同浓度杀菌剂于含菌 LB 培养基孔内, 每个浓度设置 3 次重复, 以滴加 100 μL 无菌水为空白对照, 将培养皿置于 28°C 的恒温培养箱中培养 24~48 h, 用十字交叉法测量各处理的抑菌圈直径, 计算抑菌率。抑制率 = (处理组抑菌圈直径 - 对照组抑菌圈直径) / 处理组抑菌圈直径 $\times 100\%$ ^[17]。数据采用 DPS 数据处理系统进行统计, 以杀菌剂浓度对数值为自变量 x , 以抑菌率的概率值为因变量 y , 计算出药剂的毒力回归方程、相关系数 r 、药剂对病菌的抑制中浓度 EC_{50} ^[18, 19]。

1.2.6 不同芒果种质资源对病原菌的抗性评价

将病原菌划线于 LB 培养基上, 28°C 培养 24~48 h, 用无菌水冲洗后配置成 1×10^8 CFU/mL 的菌悬液。每个品种随机在枝条上选取大小相同, 健康无病斑的淡绿色叶片, 使用去除针头的无菌注射器 (孔口直径大小约 2 mm) 进行接种, 接种点直径与针管口直径大小基本一致, 压渗接种至植物体内, 每个枝条接种叶片 5 片, 每片叶片接种 2 个点, 生物学重复 3 次, 接种无菌水作为对照, 接种后套袋保湿 48 h。在接种后的第 3 天开始观察叶片染病情况和病斑扩展速度。发病情况稳定后, 十字交叉法测量病斑直径, 计算病情指数。病害严重度分级标准^[20]: 0 级, 病斑平均直径 $X=0$ mm; 1 级, $X \leq 2.0$ mm; 3 级, $2.0 < X \leq 4.0$ mm; 5 级, $4.0 < X \leq 6.0$ mm; 7 级, $6.0 < X \leq 8.0$ mm; 9 级, $X > 8.0$ mm。以病斑直径作为病情分级标准, 计算病情指数 (DI), 病情指数按此公式计算, $DI = [\sum(N_i \times i) / (N \times 9)] \times 100$ 。式中 DI—病情指数; N_i —各病情级别病斑数; i —各病情级别值; N —调查病斑数。

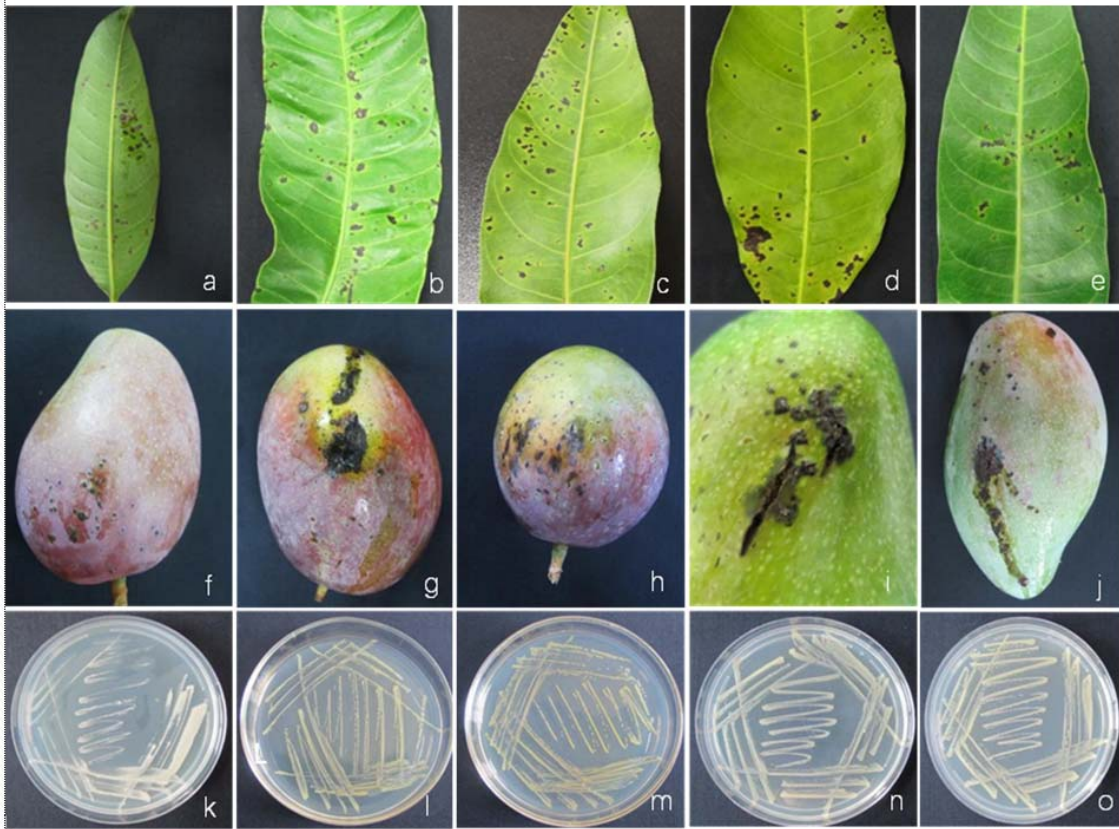
品种抗感分级标准: $DI=0$, 免疫 (I); $0 < DI \leq 15$, 高 (HR); $15 < DI \leq 30$, 抗 (R); $30 < DI \leq 45$, 中抗 (MR); 感 (S), $45 < DI \leq 60$; 高感 (HS), $DI > 60$ ^[20]。

实验数据用 DPS 软件进行方差分析^[19], 结果以 (平均值 \pm 标准误) 来表示。

2 结果与分析

2.1 病害调查与病原菌分离

2020 年-2021 年间田间调查发现, 广西百色田东县、田阳县、右江区和田林县不同果园的芒果上发生一种类似于细菌性黑斑病的坏死病。叶片感病初期产生水渍状小点, 后期逐渐扩展成多角形或不规则形状的黑褐色病斑, 周围伴有黄晕圈 (图 1 a~e); 果实感病初期主要表现为褐色小点, 后期扩展成表面隆起的黑褐色病斑, 严重时病斑溃疡开裂且有汁液溢出 (图 1 f~j)。先后从不同果园采集病害样本 28 份, 经组织表面消毒、研磨和稀释分离, 每份样品选择不同菌落形态的代表性菌株 1 株进行保存, 共获得 36 株细菌 (表 2, 图 1 k~o)。



a~j: 芒果叶片和果实的田间症状; k~o: 纯化后的分离菌株菌落形态
a-j: The field symptoms on mango leaf and fruit; k-o: The colony morphology of the isolates post-purification

图 1 芒果细菌性坏死病的田间症状和分离菌株的菌落形态

Fig. 1 Field symptoms of mango bacterial necrotic disease and colony morphology

2.2 菌株的分子生物学鉴定

利用细菌通用引物 27F/1492R 对菌株的 16S rDNA 序列进行扩增、测序, 将获得的序列在 NCBI 进行 BLASTn 同源性比对。对 36 个供试菌株 16S rDNA 序列进行系统发育分析, 结果表明, 36 个菌株中, 15 个菌株的 16S rDNA 序列与芒果细菌性黑斑病菌的相应序列同源性最高, 达 99.5% 以上, 与黄单胞菌属不同种聚在一个大分支, 另外 21 个菌株的 16S rDNA 序列与泛菌属 *Pantoea* 的相应序列同源性最高, 达 99% 以上, 与泛菌属不同种聚在另一个大分支 (图 2)。进一步克隆、测序泛菌属 21 个菌株的 6 个基因片段 (*fusA*、*gyrB*、*leuS*、*pyrG*、*rlpB* 和 *rpoB*), 并进行 BLASTn 同源性比对。利用 MEGA-X 软件的最大似然法 (maximum likelihood, ML) 构建 6 个基因串联序列的系统发育树 (图 3)。结果表明, 以 *Tatumella terre* 为外群, 21 个菌株分别聚在 4 个不同的分支, 被鉴定为 4 个种: *P. vagans*、*P. anthophila*、*P. dispersa* 和 *P. cyripedii*。其中, 8 个菌株为 *P. vagans*, 占比 38%, 是优势种。菌株的分离和鉴定结果表明, 同一样品存在泛菌属不同种或泛菌属与细菌性黑斑病菌混合发生的情况 (表 2)。

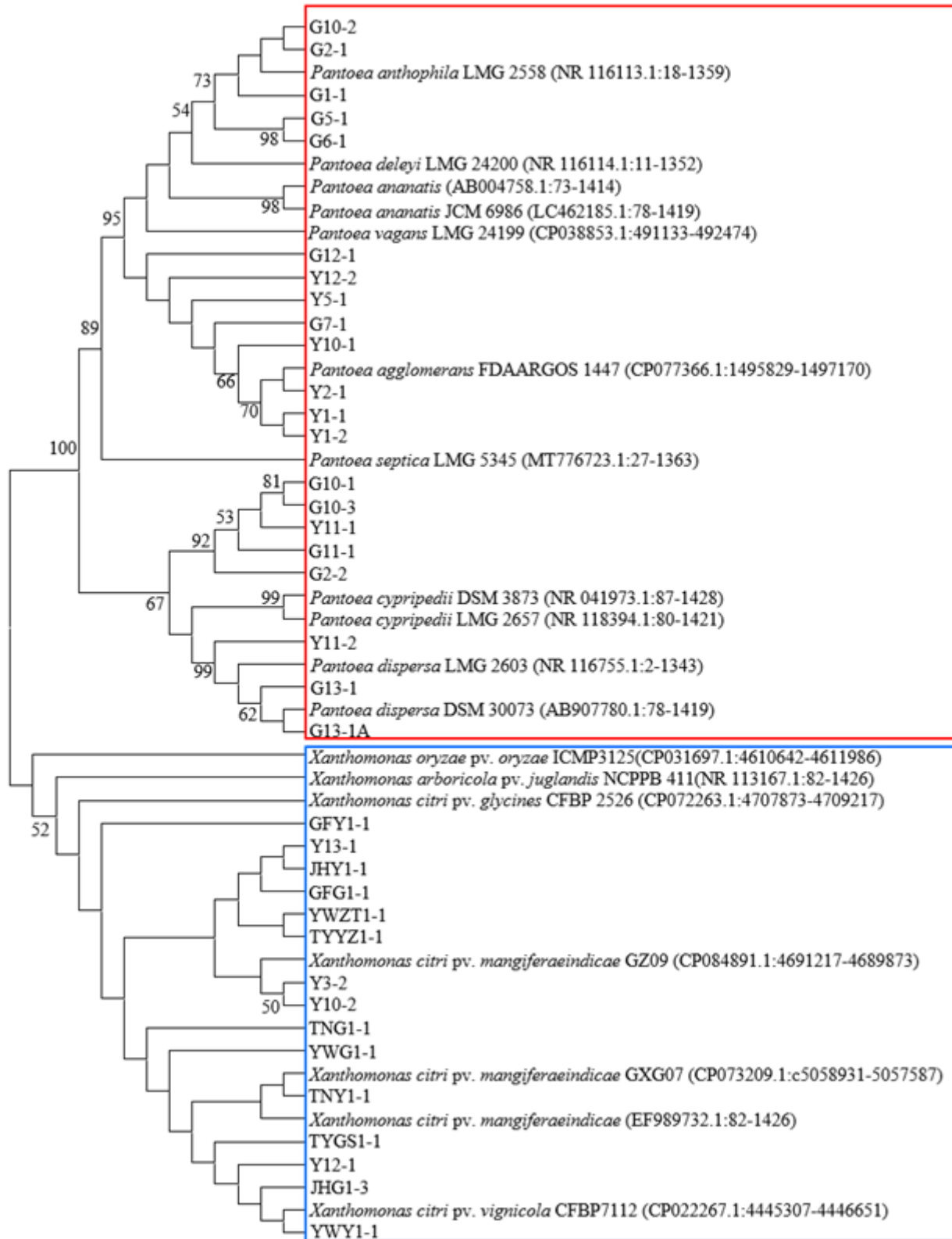


图 2 基于 16S rDNA 序列用最大似然法构建的 36 个细菌分离株的系统发育树
 Fig. 2 Phylogenetic tree of 36 bacterial isolates based on 16s rDNA by maximum likelihood

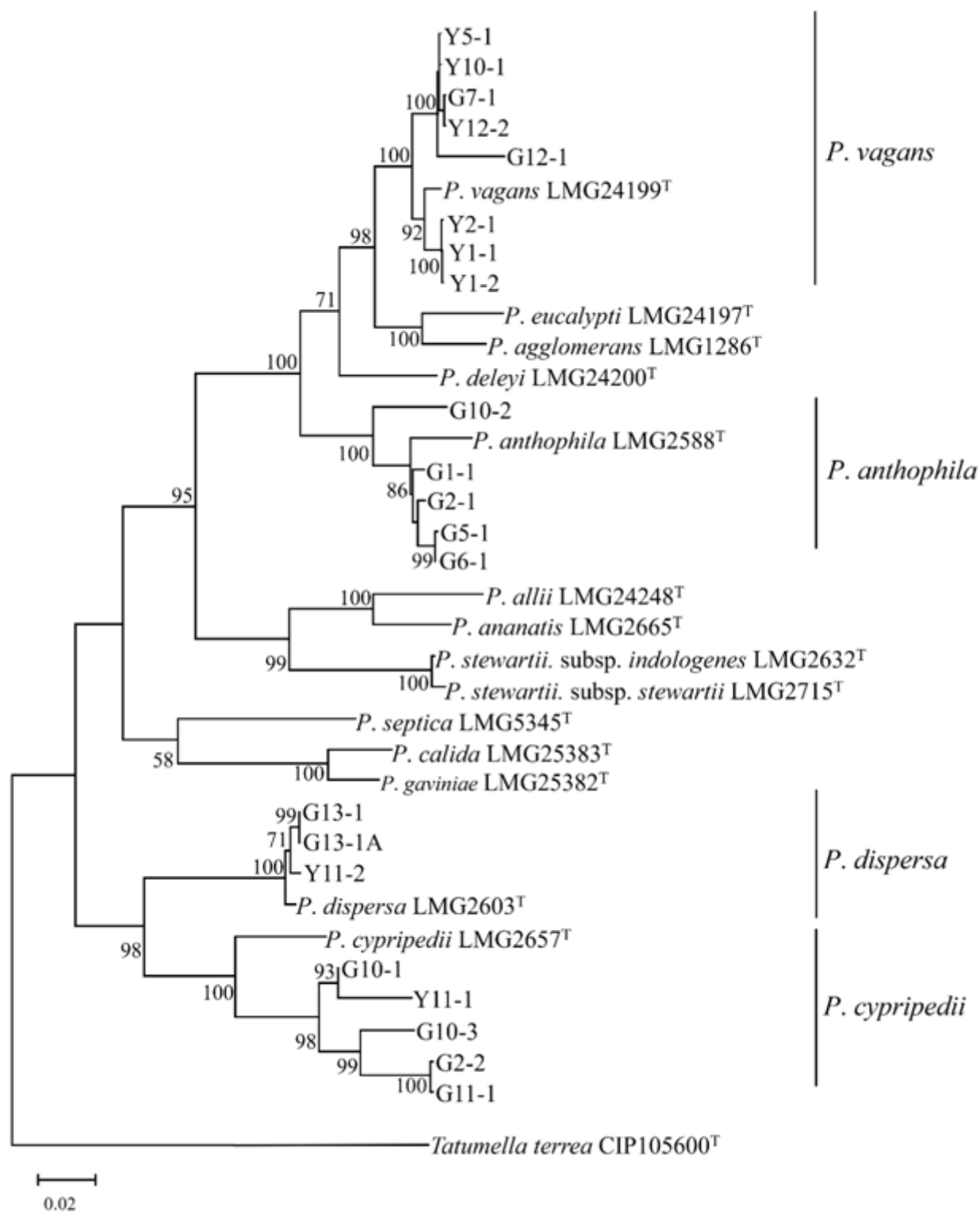


图 3 基于 *fusA-gyrB-leuS-pyrG-rlpB-rpoB* 串联基因序列用最大似然法构建的 *Pantoea* 属 21 个菌株的系统发育树
 Fig. 3 The *fusA-gyrB-leuS-pyrG-rlpB-rpoB* concatenated phylogenetic tree inferred by maximum likelihood using the 21 *Pantoea* strains

表 2 芒果细菌性病害样本分离的细菌菌株信息

Table 2 Information of bacterial strains isolated from Mango bacterial disease samples

样品号 Sample No.	菌株号 Isolates No.	采集地点 Collection Location	采集时间 Collection Date	品种 Varieties	来源 Source	分离频率 Isolation Frequency	病原种类 Species
1	G2-1	广西百色田东县林逢镇东养村	2020-06	台农1号	果实	63/82	<i>P. anthophila</i>
	G2-2	广西百色田东县林逢镇东养村	2020-06	台农1号	叶片	19/82	<i>P. cyripedii</i>
2	Y2-1	广西百色田东县林逢镇东养村	2020-06	台农1号	叶片	48/48	<i>P. vagans</i>
3	G6-1	广西百色田林高山芒果核心示范区	2020-06	金煌	果实	15/15	<i>P. anthophila</i>
4	G5-1	广西百色田阳县芒果庄园	2020-06	玉文	果实	17/28	<i>P. anthophila</i>
	YWG1-1	广西百色田阳县芒果庄园	2020-06	玉文	果实	11/28	<i>X. citri</i> pv. <i>mangiferaeindicae</i>
5	Y13-1	广西百色右江区核心示范区	2020-06	金煌	叶片	134/134	<i>X. citri</i> pv. <i>mangiferaeindicae</i>
6	Y5-1	广西百色田阳县芒果庄园	2020-06	玉文	叶片	8/16	<i>P. vagans</i>
7	G1-1	广西百色田阳县祥洲镇	2020-06	台农1号	果实	52/52	<i>P. anthophila</i>
8	Y1-2	广西百色田阳县祥洲镇	2020-06	台农1号	叶片	8/92	<i>P. vagans</i>
	Y1-1	广西百色田阳县祥洲镇	2020-06	台农1号	叶片	84/92	<i>P. vagans</i>
9	Y3-2	广西百色田阳县祥洲镇	2020-06	紫花	叶片	13/16	<i>X. citri</i> pv. <i>mangiferaeindicae</i>
10	G10-1	广西百色田阳县玉凤镇懂立村	2020-06	贵妃	果实	32/55	<i>P. cyripedii</i>
	G10-2	广西百色田阳县玉凤镇懂立村	2020-06	贵妃	果实	18/55	<i>P. anthophila</i>
	G10-3	广西百色田阳县玉凤镇懂立村	2020-06	贵妃	果实	5/55	<i>P. cyripedii</i>
11	G7-1	广西百色田阳县玉凤镇懂立村	2020-06	台农1号	果实	18/29	<i>P. vagans</i>
12	Y10-1	广西百色田阳县玉凤镇懂立村	2020-06	贵妃	叶片	8/41	<i>P. vagans</i>
	Y10-2	广西百色田阳县玉凤镇懂立村	2020-06	贵妃	叶片	33/41	<i>X. citri</i> pv. <i>mangiferaeindicae</i>
13	Y12-1	广西百色右江区核心示范区	2020-06	台农1号	叶片	45/50	<i>X. citri</i> pv. <i>mangiferaeindicae</i>
	Y12-2	广西百色右江区核心示范区	2020-06	台农1号	叶片	5/50	<i>P. vagans</i>
14	G12-1	广西百色右江区核心示范区	2020-06	台农1号	果实	128/128	<i>P. vagans</i>
15	GFG1-1	广西百色田阳县玉凤镇懂立村	2020-06	贵妃	果实	9/11	<i>X. citri</i> pv. <i>mangiferaeindicae</i>
16	GFY1-1	广西百色田阳县玉凤镇懂立村	2020-06	贵妃	叶片	69/70	<i>X. citri</i> pv. <i>mangiferaeindicae</i>
17	TNY1-1	广西百色田阳县玉凤镇懂立村	2020-06	台农1号	叶片	100/104	<i>X. citri</i> pv. <i>mangiferaeindicae</i>
18	TNG1-1	广西百色田阳县玉凤镇懂立村	2020-06	台农1号	果实	200/228	<i>X. citri</i> pv. <i>mangiferaeindicae</i>
19	Y11-1	广西百色右江区核心示范区	2020-06	金煌	叶片	65/73	<i>P. cyripedii</i>
	Y11-2	广西百色右江区核心示范区	2020-06	金煌	叶片	8/73	<i>P. dispersa</i>
20	JHG1-3	广西百色田阳县玉凤镇懂立村	2021-06	金煌	果实	64/86	<i>X. citri</i> pv. <i>mangiferaeindicae</i>
21	JHY1-1	广西百色田阳县玉凤镇懂立村	2021-06	金煌	叶片	113/127	<i>X. citri</i> pv. <i>mangiferaeindicae</i>
22	G11-1	广西百色右江区核心示范区	2021-06	金煌	果实	128/128	<i>P. cyripedii</i>
23	G13-1	广西百色右江区核心示范区	2021-06	金煌	果实	53/53	<i>P. dispersa</i>
24	G13-1A	广西百色右江区核心示范区	2021-06	金煌	果实	9/11	<i>P. dispersa</i>
25	YWY1-1	广西百色田阳县芒果庄园	2021-06	玉文	叶片	8/16	<i>X. citri</i> pv. <i>mangiferaeindicae</i>
26							

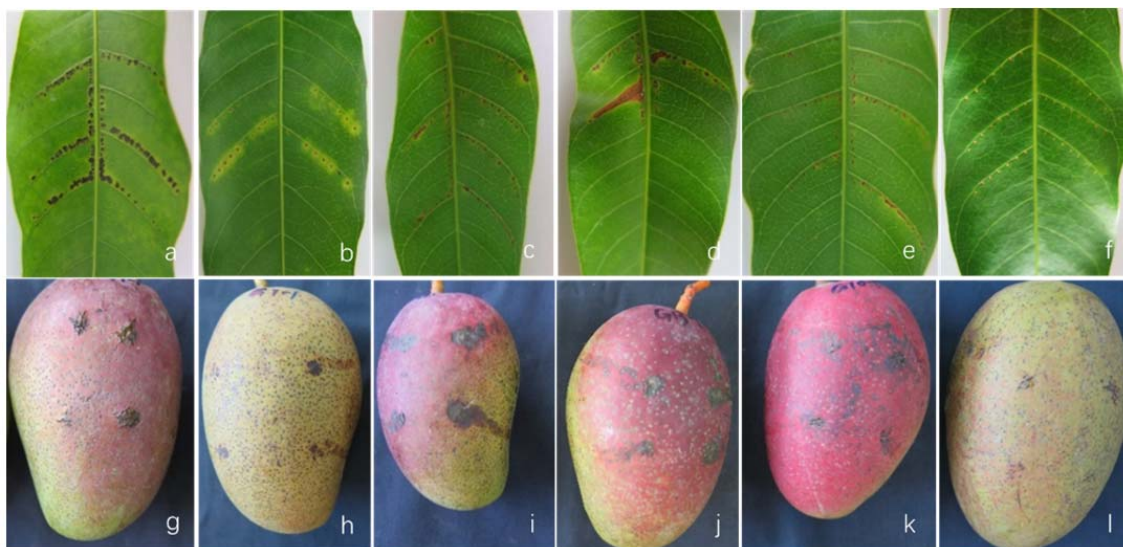
	TYYZ1-1	广西百色田阳县芒果庄园	2021-06	台芽	叶片	77/87	<i>X. citri</i> pv. <i>mangiferaeindicae</i>
27	TYGS1-1	广西百色田阳县芒果庄园	2021-06	台芽	果实	26/30	<i>X. citri</i> pv. <i>mangiferaeindicae</i>
28	YWGS1-1	广西百色田阳县芒果庄园	2021-06	玉文	果实	133/141	<i>X. citri</i> pv. <i>mangiferaeindicae</i>

2.3 形态和生理生化特性鉴定

柑橘黄单胞菌芒果致病变种具有以下共同的特征：菌落米白色，革兰氏染色阴性，能在 3% 盐浓度下生长，氧化酶阴性，过氧化氢酶阳性，可以还原硝酸盐，可以降解淀粉，不具有明胶液化能力，不可以产生硫化氢，甲基红反应阴性，不能利用蔗糖、果糖、葡萄糖、半乳糖、麦芽糖、甘露醇作为碳源。泛菌属 4 个种的供试菌株具有以下共同的特征：菌落黄色，均为革兰氏阴性菌，能在 3% 盐浓度下生长，氧化酶阴性，过氧化氢酶阳性，不能还原硝酸盐，可以降解淀粉，能利用蔗糖、果糖、葡萄糖、半乳糖、甘露醇作为碳源。此外，4 个种供试菌株均不具有明胶液化能力，但可以产生硫化氢；除 *P. vagans*，泛菌属其他 3 个种均可以利用麦芽糖作为碳源；除 *P. cyripedii* 外，其他 3 个种甲基红反应均为阳性。

2.4 致病性测定

分别选取 4 个种的代表性菌株各 1 株进行致病性测定。对‘玉文’芒果新梢上的健康叶片采用刺伤接种供试菌悬液，28°C 保湿培养 48 h。结果显示，接种 5 d 后，叶片开始出现针状褐色小点，接种 15 d 后，不同种菌株接种叶片的发病程度不同，但发病症状与田间自然发病的症状基本一致（图 4 a~f）。采用相同的方法对‘玉文’果实离体接种进行菌株致病性测定。结果显示，接种果实 7 d 后，发病症状与田间自然发病的症状相似（图 4 g~l）。对发病组织重新分离病原，经纯化和分子鉴定，分离到与供试菌株同种细菌，验证了科赫法则。



a~e: 叶片分别接种 *X. citri* pv. *mangiferaeindicae* Y13-1, *Pantoea vagans* Y12-1, *P. anthophila* G1-1, *P. dispersa* G2-2 and *P. cyripedii* Y11-2 15 d 后的症状；g~k: 果实分别接种 *X. citri* pv. *mangiferaeindicae* Y13-1, *P. vagans* Y5-1, *P. anthophila* G1-1, *P. dispersa* G2-2 and *P. cyripedii* Y11-2 7 d 后的症状；f, l: 接种 ddH₂O
a-e: The symptoms on leaves inoculated with *X. citri* pv. *mangiferaeindicae* Y13-1, *Pantoea vagans* Y5-1, *P. anthophila* G1-1, *P. dispersa* G2-2 and *P. cyripedii* Y11-2, respectively; g-k: The symptoms on fruits inoculated with *X. citri* pv. *mangiferaeindicae* Y13-1, *P. vagans* Y5-1, *P. anthophila* G1-1, *P. dispersa* G2-2 and *P. cyripedii* Y11-2, respectively; f, l: The symptoms inoculated with ddH₂O

图 4 芒果叶片和果实分别接种 4 种病原菌后的症状

Fig. 4 The symptoms of mango leaves and fruits post-inoculated with four pathogens

2.5 5种芒果病原细菌对12种杀菌剂的敏感性

芒果细菌性黑斑病菌对12种杀菌剂的敏感性测定结果表明,病原菌对12种杀菌剂的敏感性存在显著差异(表3)。其中,病原菌对四霉素、噻霉酮和丙硫唑的敏感性最强,EC₅₀分别为0.3180 mg/L、4.7232 mg/L和34.2519 mg/L;其次为辛菌胺醋酸盐、中生菌素和乙蒜素,EC₅₀分别为123.9084 mg/L、130.2890 mg/L和232.4740 mg/L;病原菌对其余杀菌剂包括3种铜制剂的毒力均较差。

芒果细菌性坏死病菌对12种杀菌剂的敏感性测定结果表明,病原菌对12种杀菌剂的敏感性亦存在显著差异(表3)。其中,4种病原菌对丙硫唑和四霉素最敏感,EC₅₀分别在0.0027~0.0828 mg/L和0.5869~1.4340 mg/L之间;其次为噻霉酮、乙蒜素、中生菌素和辛菌胺醋酸盐,EC₅₀分别在235.6015~338.8698 mg/L、348.5349~505.3786 mg/L、7.7228~285.5396 mg/L和235.1859~431.7184 mg/L之间;病原菌对其余杀菌剂的敏感性最弱。

表3 不同病原菌株对供试药剂的敏感性测定结果

Table 3 The sensitivity of different pathogens to different tested bactericides

杀菌剂 Bactericides	病原菌菌株 Strain number	毒力回归方程 Toxicity regression equations	相关系数(r) Correlation coefficient	EC ₅₀ (mg/L)
氢 氧 化 铜	Y13-1	$y=1.2081+1.0121x$	0.9563	5580.5120
	G1-1	$y=0.2153+1.177x$	0.9851	11617.8700
	G2-2	$y=1.3192x-0.8646$	0.9723	27889.0300
	Y11-2	$y=1.5012x-1.6198$	0.9548	25682.3600
	Y5-1	$y=1.0778+0.9394x$	0.9812	14974.8800
琥 胶 肥 酸 铜	Y13-1	$y=2.2914+0.7556x$	0.9700	3842.8483
	G1-1	$y=1.6991+0.8351x$	0.9816	8970.5203
	G2-2	$y=1.9246+0.7480x$	0.9994	12922.8869
	Y11-2	$y=1.8956+0.7577x$	0.9995	12506.8832
	Y5-1	$y=1.4902+0.9120x$	0.9919	7055.7904
王 铜	Y13-1	$y=1.4868+0.9123x$	0.9734	7095.0930
	G1-1	$y=1.0216+1.0089x$	0.9539	8776.4980
	G2-2	$y=2.2603+1.5402x$	0.9945	51756.2700
	Y11-2	$y=3.1608+0.4129x$	0.9852	29917.4200
	Y5-1	$y=1.1874+0.9732x$	0.9426	8272.2990
噻 唑 锌	Y13-1	$y=1.0754+1.0305x$	0.9788	6433.1784
	G1-1	$y=2.0592+0.7748x$	0.9941	6246.0754
	G2-2	$y=2.0087+0.7885x$	0.9883	6219.1205
	Y11-2	$y=1.8156+0.8655x$	0.9937	4776.2515
	Y5-1	$y=1.2591x-0.3917$	0.9988	4571.0808
噻 霉 酮	Y13-1	$y=4.6268+0.5535x$	0.9991	4.7232
	G1-1	$y=2.7291+0.8976x$	0.9845	338.8698
	G2-2	$y=3.9045+0.4461x$	0.9863	285.5396
	Y11-2	$y=3.1715+0.7648x$	0.9864	246.0341
	Y5-1	$y=2.9434+0.8670x$	0.9970	235.6015
丙 硫 唑	Y13-1	$y=3.3712+1.0613x$	0.9938	34.2519
	G1-1	$y=5.4983+0.1946x$	0.9435	0.0027
	G2-2	$y=5.4792+0.2450x$	0.9807	0.0111
	Y11-2	$y=5.3419+0.3161x$	0.9843	0.0828
	Y5-1	$y=5.3948+0.2368x$	0.9819	0.0215
乙 蒜 素	Y13-1	$y=2.9710+0.8574x$	0.9988	232.4740
	G1-1	$y=2.9470+0.7899x$	0.9960	397.2115
	G2-2	$y=3.0182+0.7330x$	0.9847	505.3786
	Y11-2	$y=3.1633+0.6992x$	0.9952	423.4635
	Y5-1	$y=2.9469+0.8076x$	0.9907	348.5349
春 雷 霉	Y13-1	$y=2.4089+0.7609x$	0.9595	2541.9078
	G1-1	$y=2.6856+0.6784x$	0.9318	2579.4160
	G2-2	$y=2.4852+0.7278x$	0.9691	2855.1572
	Y11-2	$y=2.4716+0.7141x$	0.9547	3473.8086

素	Y5-1	$y=2.07+0.8101x$	0.9752	4137.5059
中 生 菌 素	Y13-1	$y=3.7784+0.5776x$	0.9706	130.2890
	G1-1	$y=4.7165+0.3193x$	0.9765	7.7228
	G2-2	$y=3.9045+0.4461x$	0.9863	285.5396
	Y11-2	$y=3.7140+0.5306x$	0.9665	265.1557
	Y5-1	$y=4.1369+0.3976x$	0.9969	148.2305
四 霉 素	Y13-1	$y=5.2292+0.0486x$	0.9838	0.3180
	G1-1	$y=4.9354+0.4127x$	0.9903	1.4340
	G2-2	$y=4.9813+0.4161x$	0.9864	1.1088
	Y11-2	$y=4.9644+0.4021x$	0.9875	1.2263
	Y5-1	$y=5.0906+0.3914x$	0.9836	0.5869
辛 菌 胺 醋 酸 盐	Y13-1	$y=3.031+0.9407x$	0.9977	123.9084
	G1-1	$y=2.8352+0.906x$	0.9481	245.1453
	G2-2	$y=0.9095+1.5908x$	0.9917	372.7046
	Y11-2	$y=1.2307+1.4303x$	0.9896	431.7184
	Y5-1	$y=2.4099+1.0922x$	0.9913	235.1859
氯 溴 异 氰 尿 酸	Y13-1	$y=1.8899+0.8231x$	0.9957	6006.9705
	G1-1	$y=1.9603+0.7422x$	0.9918	12463.0482
	G2-2	$y=1.6947+0.8056x$	0.9946	12669.4024
	Y11-2	$y=1.2998+0.9090x$	0.9945	11769.8991
	Y5-1	$y=1.7617+0.8016x$	0.9952	10959.4823

2.6 50 份芒果种质资源对细菌性黑斑病坏死病的抗性评价

对 50 份芒果种质资源的细菌性黑斑病和坏死病抗性水平进行评价。结果表明，50 份芒果种质资源中，缅甸球芒对细菌性黑斑病表现为中抗，海豹芒、龙芒等 49 份材料及品种表现为感病；76 号和白象牙对细菌性坏死病表现为抗病，43 号、9 号等 34 份材料及品种表现为中抗，28 号、金百花等 14 份表现为感病；对两种病害均达中抗以上水平的仅缅甸球芒（表 4）。

表 4 不同芒果材料抗性评价结果

Table 4 Evaluation result of different mango materials resistance

编号 No.	芒果种质 Mango germplasms	细菌性黑斑病 Bacterial black spot			细菌性坏死病 Bacterial necrosis		
		发病率 (%)Incidence	病情指数 Disease index	抗性水平 Resistance level	发病率 (%)Incidence	病情指数 Disease index	抗性水平 Resistance level
1	新世纪芒	100	55.56±0dD	S	100	40.74±3.92defghBCDE	MR
2	龙井芒	100	49.62±1.48hH	S	100	37.78±4.44 efghDEF	MR
3	硕帅芒	100	57.03±0cC	S	100	36.3±1.48fghiDEF	MR
4	红玉芒	100	52.59±1.48fF	S	100	37.78±2.56efghDEF	MR
5	太太芒	100	54.07±1.68eE	S	100	37.78±2.56 efghDEF	MR
6	缅甸芒 3 号	100	55.56±1.67dD	S	100	40.74±1.48defghBCDE	MR
7	缅甸球芒	100	43.7±0.33jJ	MR	100	43.7±2.96bcdefgABCDE	MR
8	龙芒	100	60±1.34aA	S	100	34.81±1.48ghiEF	MR
9	海豹芒	100	60±0.33aA	S	100	34.07±3.23hiEF	MR
10	红萍芒	100	55.56±0.33dD	S	100	34.81±1.48ghiEF	MR
11	粤西 1 号芒	100	52.59±1.68fF	S	100	40.7±2.96defghBCDE	MR
12	白象牙	100	57.03±2.81cC	S	100	28.89±2.57iF	R
13	76 号芒	100	52.59±1.48fF	S	100	28.89±2.57iF	R
14	桂热芒 3 号	100	55.56±1.15dD	S	100	39.25±2.96defghCDEF	MR

15	斯里兰卡 811 号芒	100	58.52±1.15bB	S	100	42.22±0cdefghABCDE	MR
16	大头芒	100	55.56±0.33dD	S	100	39.25±1.48defghCDEF	MR
17	桂热芒 120 号	100	57.03±1.68cC	S	100	47.41±0.74abcdABCD	S
18	87 号芒	100	48.15±2.96iI	S	100	37.78±2.57efghDEF	MR
19	101 号芒	100	55.56±0.33dD	S	100	37.78±0efghDEF	MR
20	巴基斯坦 235 号芒	100	52.59±1.48fF	S	100	42.22.56±0cdefghABCDE	MR
21	桂热芒 2 号	100	57.03±0.33cC	S	100	45.19±1.48abcdefABCDE	S
22	秋芒	100	54.07±1.82eE	S	100	40.74±2.96defghBCDE	MR
23	桂热芒 279 号	100	55.56±0.33dD	S	100	45.19±3.92abcdefABCDE	S
24	圣德隆芒	100	54.07±1.68eE	S	100	42.22±0 cdefghABCDE	MR
25	桂七芒	100	49.62±0.33hH	S	100	43.7±2.96bcdefgABCDE	MR
26	台农 1 号芒	100	57.03±1.34cC	S	100	36.3±1.48fghiDEF	MR
27	贵妃芒	100	54.07±1.68eE	S	100	39.25±1.48defghCDEF	MR
28	水仙芒	100	54.07±1.68eE	S	100	37.78±0efghDEF	MR
29	热农 1 号芒	100	52.59±0.33fF	S	100	52.59±1.48aA	S
30	桂热芒 10 号	100	55.56±0.33dD	S	100	51.11±2.57abAB	S
31	红杉林芒	100	57.03±1.34cC	S	100	49.63±3.92abcABC	S
32	玉文	100	55.56±0.33dD	S	100	46.67±0abcdeABCD	S
33	红象牙芒	100	55.56±0.33dD	S	100	40.74±1.48defghBCDE	MR
34	南豆迈 4 号芒	100	51.11±0gG	S	100	46.67±2.96abcdefABCDE	S
35	金百花芒	100	51.11±2.86gG	S	100	51.11±2.57abAB	S
36	马来西亚 B 芒	100	54.07±1.68eE	S	100	39.25±1.48defghCDEF	MR
37	攀育 2 号芒	100	57.03±0.33cC	S	100	45.19±1.48abcdefABCDE	S
38	未命名芒	100	51.11±2.86gG	S	100	39.25±1.48defghCDEF	MR
39	金兴芒	100	54.07±1.68eE	S	100	45.19±2.96abcdefABCDE	S
40	帕拉英达芒	100	51.11±2.86gG	S	100	37.78±2.57efghDEF	MR
41	澳芒	100	57.03±1.68cC	S	100	37.78±0efghDEF	MR
42	四季蜜芒	100	58.52±2.81bB	S	100	39.25±1.48defghCDEF	MR
43	田阳香芒	100	55.56±0.33dD	S	100	39.25±1.48defghCDEF	MR
44	金煌芒	100	52.59±1.82fF	S	100	45.19±5.34abcdefABCDE	S
45	5 号芒	100	55.56±0.33dD	S	100	51.11±0abAB	S
46	28 号芒	100	52.59±3.14fF	S	100	52.59±2.96aA	S
47	43 号芒	100	54.07±1.68eE	S	100	43.7±3.92bcdefgABCDE	MR
48	9 号芒	100	57.03±2.86cC	S	100	43.7±1.48bcdefgABCDE	MR
49	15 号芒	100	52.59±1.82fF	S	100	43.7±4.45cdefghABCDE	MR
50	6 号芒	100	52.59±3.14fF	S	100	43.7±5.34 bcdefgABCDE	MR

注：R：Resistant；MR：Middle resistant；S：Susceptible。

3 讨论

本研究为国内外首次报道泛菌属 *P. anthophila*、*P. dispersa* 和 *P. cyripedii* 引起芒果细菌性坏死病。

2020年-2021年两年的调查发现,该病害在广西百色发生普遍,且常与芒果细菌性黑斑病混合发生,容易被忽略或混淆,值得进一步关注。植物病原细菌传统的分类依据主要是表型特征和生理生化特性,前者包括菌落形态、细菌革兰氏染色观察、致病性等。由于有些重要分类特征的重叠和环境的影响,遗传关系较近的小种、亚种及致病变种等往往难以区分,给病原菌的快速准确鉴定带来诸多困难^[21]。本研究中生理生化特性结果也证实其无法有效区分泛菌属4个不同种。随着分子生物学的快速发展,现代细菌分类已进入多相分类(polyphasic taxonomy)阶段^[22]。16S rRNA基因序列是细菌分类鉴定的强有力工具,几乎可以对所有的细菌进行属水平上的鉴定^[23-24],但由于其保守性高,不太适合种或某些近缘种的鉴定。本研究中基于16S rRNA基因序列能将36株菌株进行属水平的区分,但无法在种水平上进行有效鉴定。目前,基于*fusA*、*gyrB*、*leuS*、*pyrG*、*rlpB*和*rpoB*多位点序列分析被广泛应用于泛菌属细菌的分类鉴定研究中,其快速准确、重复性好,在细菌的分类鉴定中具有独特优势^[15]。本研究结果也表明,基于*fusA*、*gyrB*、*leuS*、*pyrG*、*rlpB*和*rpoB*多基因序列能有效区分泛菌的不同种。

施用化学药剂是防治芒果细菌性病害的重要手段之一。丙硫唑是一种低毒、广谱的杀菌剂,其结构比多菌灵多了1个丙硫基,对细菌的作用机理与抑制病原菌的细胞分裂有关,主要抑制细菌分裂蛋白(FtsZ)的聚合作用^[25,26]。研究表明丙硫唑在室内对芒果细菌性黑斑病菌具有较好抑菌活性,与溴菌腈混配具有协同增效作用^[27]。本研究也发现丙硫唑有较强的抑菌作用,与前人研究结果趋势基本一致。此外,噻霉酮、四霉素、中生菌素以及乙蒜素对5种芒果病原细菌也有较好的抑制活性。噻霉酮是我国自主创制的品种,作用机理是通过破坏细菌或真菌的细胞核结构和阻碍其新陈代谢而最终使其死亡,具有安全、低毒、高效和低残留等特点^[28],可有效防治黄瓜、苹果树、柑橘上的细菌和真菌病害^[29]。占礼刚等人利用3%噻霉酮对芒果细菌性黑斑病菌进行室内毒力测定得到 EC_{50} 为0.103 mg/L,田间防效达72.83%^[30]。本研究测定3%噻霉酮对芒果细菌性黑斑病菌的 EC_{50} 为4.7232 mg/L,对其它芒果病原细菌也有较好的直接接触杀能力。四霉素为不吸水链霉菌梧州亚种*Streptomyces ahygroscopicus* subsp. *wuzhouensis*的发酵代谢产物,对革兰氏阴性菌以及革兰氏阳性菌均有强杀灭作用^[31],目前主要应用于防治杨树溃疡病、水稻立枯病、细菌性角斑病、花生根腐病、小麦赤霉病和白粉病等(中国农药信息网)。中生菌素是一种由淡紫灰链霉菌海南变种产生的一种新型农用抗生素,对病原细菌具有很高的活性,通过抑制病原细菌蛋白质的肽键生成,最终导致细菌死亡^[32],对芒果细菌性黑斑病菌有很好的抑制作用^[33]。乙蒜素是大蒜素的乙基同系物,其作用机理通过自身分子结构中的二硫氧基团和病原菌分子结构中的巯基团反应,抑制病原菌的代谢功能,对水稻、黄瓜、棉花、油菜等作物的稻瘟病、枯萎病、霜霉病、角斑病等多种作物病害防治效果良好^[34,35]。四霉素、中生菌素和乙蒜素均是抗生素或抗生素衍生物类,对芒果病原细菌具有良好的抑制活性,今后可进一步对其进行田间防效的应用评价。本研究发现铜、锌制剂对病原菌的直接接触杀效果较差,与前人研究结果一致^[23],推测其可能原因是金属类杀菌剂为了减少高浓度游离金属离子对植物毒性,一般加工成难溶性的金属盐,喷施到植物表面后,在植物体和环境作用下,缓慢释放金属离子从而发挥杀菌作用^[36]。铜制剂是防治作物细菌性病害的常用药剂,其保护性强,但是长期频繁使用,易引发环境污染、植物药害、资源消耗等问题^[37-39]。噻唑锌是一种高效、低毒、安全的杀菌剂^[40],对芒果细菌性黑斑病具有较好的田间防效^[30,41],在生产上可与其它药剂轮换使用。

目前国内已开展芒果种质对细菌性黑斑病抗性评价的相关研究,已有相关的抗性评价技术规程^[20],该规程采用叶片浸润接种法进行接种。为增加田间易操作性,本研究在此方案基础上进行了改进,采用压渗法接种,操作简单、快捷。研究表明压渗接种法和针刺法均可以准确区分水稻材料的抗感差异^[42]。漆艳香等^[43]研究发现台农1号、贵妃、玉文、红玉、硕帅、桂热芒3号、海豹芒为感病品种,与本研究结果一致。刘晓妹等人发现台农1号、粤西1号为中抗品种,红象牙芒为抗病品种,未发现免疫品种^[44];王磊发现热农一号为高抗,澳芒为中抗,金煌为中感,红象牙等为高感品种^[45];唐莹莹等^[46]发现桂热芒3号在叶片转绿期表现为中抗。本研究测定发现台农1号、粤西1号、红象牙、热农1

号、澳芒、金煌均为感病品种，与上述文献报道不一致。同一品种对不同的病原菌抗性不同，甚至差异较大，不同品种对同种病原菌的病情指数及抗性级别也存在差异。造成这些差异的原因可能是不同芒果产区的病原菌毒力存在差异，今后需要进一步比较研究优化芒果细菌性病害抗性评价体系。关于芒果细菌性黑斑病抗病性评价，不同人所使用的方法以及筛选材料具有一定的差异性，并且病情指数的评价没有按照统一的划分标准，使用单一评价指标往往具有片面性，因此使用多个指标进行综合评价才能提高实验的准确性。由于评价标准不同，尽管本研究结果与前人的研究结果存在一定差异，但对于芒果的抗病育种仍具有一定的理论指导意义。此外，目前国外关于芒果细菌性坏死病仅有病原鉴定，而没有抗性评价的相关报道，因此这是国内首次评价不同品种对芒果细菌性坏死病的抗病性。今后应加强对芒果细菌性黑斑病和坏死病的病原监测以及芒果的抗病性评价，为芒果的抗病育种提供参考。

参考文献

- [1] Lauricella M, Emanuele S, Calvaruso G, et al. Multifaceted health benefits of *Mangifera indica* L. (Mango): The inestimable value of orchards recently planted in Sicilian Rural Areas [J/OL]. *Nutrients*, 2017, 9(5): 525. DOI: 10.3390/nu9050525.
- [2] Souza F V D, Rebouças C C, Souza E H, et al. *In vitro* conservation of mango (*Mangifera indica* L.) Ubá and Carlota cvs. through culturing immature embryos [J/OL]. *Anais da Academia Brasileira de Ciências*, 2020, 92(S 1): e20190400. DOI: 10.1590/0001-3765202020190400.
- [3] 张淑贞. 乡村振兴战略背景下广西百色芒果产业的发展对策研究[J]. *中国商论*, 2022(4): 165-168.
- [4] Zhu Longbao, Yang Jing, Feng Guoqiang, et al. Investigation into isomerization reaction of phenylalanine aminomutase from *Pantoea agglomerans* [J/OL]. *Enzyme and Microbial Technology*, 2020, 132: 109428. DOI: 10.1016/j.enzmictec.2019.109428.
- [5] Doidge E M. A bacterial disease of the mango, *Bacillus mangiferae* [J]. *Annals of Applied Biology*, 1915, 2(1): 1-45.
- [6] Ah-You N, Gagnevin L, Grimont P A, et al. Polyphasic characterization of xanthomonads pathogenic to members of the Anacardiaceae and their relatedness to species of *Xanthomonas* [J]. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2009, 59(Pt 2): 306-318.
- [7] Cazorla F M, Tores J A, Olalla L, et al. Bacterial apical necrosis of mango in Southern Spain: a disease caused by *Pseudomonas syringae* pv. *syringae* [J]. *Phytopathology*, 1998, 88(7): 614-620.
- [8] 漆艳香, 蒲金基, 张欣, 等. 芒果树生黄单胞叶斑病原的鉴定[J]. *果树学报*, 2011, 28(4): 645-650.
- [9] Liu Feng, Zhan Rulin, He Zhongqin. First report of bacterial dry rot of mango caused by *Sphingomonas sanguinis* in China [J/OL]. *Plant Disease*, 2018, 102(12): 2632. DOI: 10.1094/PDIS-04-18-0589-PDN.
- [10] 何忠勤, 柳凤, 詹儒林, 等. 芒果细菌性干枯病原菌的分离与鉴定[J]. *中国南方果树*, 2019, 48(3): 1-5.
- [11] Gutiérrez-Barranquero J A, Cazorla F M, Tores J A, et al. First report of *Pantoea ananatis* causing necrotic symptoms in mango trees in the Canary Islands, Spain [J/OL]. *Plant Disease*, 2019, 103(5): 1017. DOI: 10.5197/j.2044-0588.2015.032.021.
- [12] Gutiérrez-Barranquero J A, Cazorla F M, Torés J A, et al. *Pantoea agglomerans* as a new etiological agent of a bacterial necrotic disease of Mango trees [J]. *Phytopathology*, 2019, 109(1): 17-26.
- [13] Chen Xiaolin, Sun Qiuling, Tang Lihua, et al. First report of bacterial necrosis caused by *Pantoea vagans* in Mango in China [J/OL]. *Plant Disease*, 2022. DOI: 10.1094/PDIS-08-22-1950-PDN.
- [14] Ludwig W. Nucleic acid techniques in bacterial systematics and identification [J]. *International Journal of Food Microbiology*, 2007, 120(3): 225-236.
- [15] Delétoile A, Décré D, Courant S, et al. Phylogeny and identification of *Pantoea* species and typing of *Pantoea agglomerans* strains by multilocus gene sequencing [J]. *Journal of Clinical Microbiology*, 2009, 47(2): 300-310.
- [16] 白雪, 陈悦, 白庆荣, 等. 糜子细菌性条斑病原菌鉴定及其对 13 种杀菌剂的敏感性[J]. *植物保护学报*, 2019, 6(6): 1233-1242.
- [17] 韦文添, 关明. 几种药剂对柑桔溃疡病菌的毒力和防治效果[J]. *广西农学报*, 2017, 32(1): 21-24+46.
- [18] TANG Q Y, ZHANG C X. Data processing system (DPS) software with experimental design, statistical analysis and data

- mining developed for use in entomological research[J]. *Insect Science*, 2013, 20(2): 254-260.
- [19] 唐启义. DPS 数据处理系统—实验设计、统计分析及数据挖掘[M]. 第 2 版. 北京: 科学出版社, 2010: 75-128, 369-371.
- [20] 漆艳香, 张贺, 蒲金基, 等. 2018, 热带作物种质资源抗病虫性鉴定技术规程芒果细菌性黑斑病[M], 北京: 中国农业出版社, NY/T 3198-2018.
- [21] 田茜, 张美, 胡洁, 等. 植物病原细菌 DNA 条形码检测技术[J]. *植物检疫*, 2014, 28(6): 1-7.
- [22] 冯洁. 植物病原细菌分类最新进展[J]. *中国农业科学*, 2017, 50(12): 2305-2314.
- [23] Ward D M, Weller R, Bateson M M. 16S rRNA sequences reveal numerous uncultured microorganisms in a natural community [J]. *Nature*, 1990, 345(6270): 63-65.
- [24] Yarza P, Yilmaz P, Pruesse, et al. Uniting the classification of cultured and uncultured bacteria and archaea using 16S rRNA gene sequences [J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2014, 12(9): 635-645.
- [25] 白雪, 陈悦, 白庆荣, 等. 糜子细菌性条斑病原菌鉴定及其对 13 种杀菌剂的敏感性[J]. *植物保护学报*, 2019, 6(6): 1233-1242.
- [26] 石娅琼. 丙硫唑抗菌谱及其增效减量应用技术研究[D]. 江苏: 南京农业大学, 2015.
- [27] 叶火春, 张静, 朱发娣, 等. 丙硫唑与溴菌腈对芒果细菌性角斑病菌的协同作用及田间防效[J]. *中国南方果树*, 2020, 49(1): 35-38.
- [28] 王晓敏, 刘清国, 龚德勇. 新农药噻霉酮对芒果炭疽病的防治效果[J]. *贵州农业科学*, 2013, 41(1): 90-92.
- [29] 刘相吾. 噻霉酮在水体和土壤中的环境行为以及在柑橘上的残留研究[D]. 贵州: 贵州大学, 2020.
- [30] 占礼钢, 叶火春, 张静, 等. 杀菌剂对芒果细菌性角斑病菌的室内毒力及田间防效[J]. *热带作物学报*, 2020, 41(3): 538-543.
- [31] 黄婷娇, 倪现朴, 夏焕章. 梧宁霉素 C 组分高产突变株的获得和产物初步鉴定[J]. *中国抗生素杂志*, 2011, 36(2): 121-124.
- [32] 李信中, 陈建, 肖运萍, 等. 中生菌素和生石灰对芝麻青枯病的联合防控效果[J]. *中国生物防治学报*, 2020, 36(3): 472-478.
- [33] 李双双, 潘忠成, 张心心, 等. 中生菌素水剂对芒果细菌性角斑病的田间防效[J]. *农业与技术*, 2022, 42(2): 9-12.
- [34] 王海萍, 杨仁斌, 余佳荣, 等. 20%高渗乙蒜素乳油在水稻植株、稻米、稻壳、稻田水及土壤中的残留检测及消解动态[J]. *农药学报*, 2008, 10(04): 455-459.
- [35] 刘双清, 张亚, 廖晓兰, 柏连阳. 我国植物源农药的研究现状与应用前景[J]. *湖南农业科学*, 2016, (2): 115-119.
- [36] 徐汉虹. 植物化学保护学(第四版) [M]. 北京: 中国农业出版社, 2007: 135.
- [37] Lamichhane J R, Osdaghi E, Behlau F, et al. Thirteen decades of antimicrobial copper compounds applied in agriculture. A review[J]. *Agronomy for Sustainable Development*, 2018, 38(3): 1-18.
- [38] 马绍英. 棚室蔬菜铜制剂药害的发生原因及建议[J]. *现代农业科技*, 2018, (11): 139+141.
- [39] Wightwick A M, Salzman S A, Reichman S M. Effects of copper fungicide residues on the microbial function of vineyard soils[J]. *Environmental Science and Pollution Research*, 2013, 20(3): 1574-1585. (in Chinese)
- [40] 魏方林, 戴金贵, 朱国念, 等. 创制杀菌剂—噻唑锌[J]. *世界农药*, 2008, (2): 47-48.
- [41] 陈金雄. 噻唑锌防治芒果细菌性角斑病田间药效试验[J]. *中国南方果树*, 2018, 47(2): 69-70.
- [42] 赵严, 罗登杰, 何圣贤, 等. 水稻细菌性条斑病 4 种接种方法的比较, *亚热带农业研究*, 2018, 14(04): 242-246.
- [43] 漆艳香, 张贺, 蒲金基, 等. 芒果种质对细菌性黑斑病的抗性评价, *中国南方果树*, 2016, 45(05): 59-61.
- [44] 刘晓妹, 刘文波, 蒲金基, 等. 芒果对细菌性黑斑病抗病性测定, *果树学报*, 2009, 26(03): 349-352.
- [45] 王磊, 何忠勤, 姚全胜, 等. 33 份芒果种质对细菌性角斑病的抗性评价, *中国南方果树*, 2020, 49(01): 32-34+38.
- [46] 唐莹莹, 黄国弟, 陈永森, 等. 芒果新品种“桂热芒 3 号”对炭疽病和细菌性黑斑病的抗性评价初报, *中国南方果树*, 2020, 49(03): 35-39+45.

广东农垦培育发展甘薯产业的意义及建议

李志勇

(广东省农垦总局, 广东广州 510612)

摘要 本文在耕地必须要种植粮食的政策背景下, 结合广东农垦发展战略需求和甘薯产业市场、效益及存在问题, 探讨广东农垦培育发展甘薯产业的切入点, 并提出有关建议。

关键词 甘薯; 脱毒苗; 粮食

中图分类号 Q949.748.5

文献标识码 A

关键词: 甘薯产业; 农垦培育; 建议

广东农垦为广东省政府重点支持的大型骨干企业, 主要从事战略资源、绿色食品、城乡服务等三大主业。近年来, 广东农垦传统产业逐渐出现增长乏力的现象, 急需加快推进产业的提质增效, 而探索发展新兴产业也是应对当前困境的重要出路。

一、政策背景

民以食为天, 保障粮食安全就是守住国家生命线。2022 年中央一号文件对全力抓好粮食生产和重要农产品供给、守住保障国家粮食安全底线作出了全面部署, 提出要确保 2022 年粮食播种面积稳定、产量稳定在 1.3 万亿斤以上, 把 14 亿多中国人的饭碗端得更牢固。2020 年国务院发布了《关于防止耕地“非粮化”稳定粮食生产的意见》《关于坚决制止耕地“非农化”行为的通知》, 要求切实遏制耕地“非粮化”“非农化”行为, 确保耕地必须用于种粮食, 保障我国粮食生产的耕地红线。

受耕地资源约束和种植效益的影响, 小麦、水稻等口粮品种继续增产的空间变小、难度加大, 而甘薯因其高产广适, 块根和茎叶均可食用, 在中国被快速广泛种植。在提倡“大食物观”构建国家粮食安全战略的当下, 甘薯将扮演更加重要的角色, 是我国粮食安全的底线作物。

目前, 广东省正在大力发展甘薯产业, 出台了《广东甘薯产量提升实施方案(2023-2026 年)》, 明确提出: 到 2026 年, 全省甘薯产量比 2022 年提高 20%。甘薯脱毒种苗繁育体系进一步完善, 绿色高产高效生产技术模式得到大面积推广, 甘薯全程机械化短板取得重大突破, 甘薯产业带动能力显著增强, 形成甘薯品种、育苗、种植、加工、销售等全产业链各环节整体协同共促的良性发展格局, 实现粮食增产, 农民增收。

二、广东农垦发展战略需求

《广东农垦经济与社会发展“十四五”规划》明确了广东农垦发展定位: 国家战略资源的保障者、现代农业的引领者、乡村振兴战略的践行者。广东农垦 2021、2022 年工作报告进一步细化了广东农垦发展方向, 做出了“1339”工作部署, 聚焦“战略资源、绿色食品、城乡服务”三大主业, 实施九大工程和开展十项行动。其中, 新兴产业培育壮大行动提出, “加快发展现代设施农业, 因地制宜发展马铃薯和番薯等旱粮产业”。

广东农垦现有耕地 70 多万亩, 主要集中在雷州半岛(约 63 万亩), 且绝大部分为旱地。在耕地必须要种植粮食的政策背景下, 迫切需求探索发展旱粮作物。甘薯作为我国第六大粮食作物, 适宜机械化耕作, 相对容易保存, 皆可鲜食和加工, 正是广东农垦发展粮食作物的最佳选择之一。而且探索甘薯与垦区甘蔗轮作, 能更有效改善甘蔗连作带来的产量降低, 促进农业可持续发展。

三、市场需求及效益

我国是全球最大的甘薯生产国，种植甘薯面积 4045 万亩，占世界的 29.8%；甘薯总产量达 4783 万吨，占世界的 53.8%。由于甘薯营养丰富，保健功能强而深受消费者的欢迎，随着人们生活水平的提高，保健型优质鲜食甘薯需求量越来越大，种植规模也有逐年增加的趋势。此外，甘薯用于淀粉加工、色素提取等方面存在巨大市场空间。其中，将甘薯加工为变性淀粉，在我国的年需求量达到四百万吨以上，但是国产量才是十万余吨，远远不能满足国内变性淀粉需求。我国淀粉加工等行业需要大量的甘薯原料供应，将为甘薯产业提供巨大的发展空间。

2022 年，广东省甘薯种植面积超过 225 万亩，产量约为 300 万吨，位于山东、河南、河北之后，全国排名第四。广东省各地区均有甘薯种植，主要分布于粤西和粤东，粤西占比约为 32%、粤东约 30%，珠三角和粤北种植面积较小，占比分别为 21%和 17%。作为粮食作物，甘薯不仅产量可观，而且近两年甘薯的价格有所上涨，农民的收益也稳步见涨，种植面积较稳定，有提升的趋势。

四、甘薯产业存在的问题

一是病虫害成为制约甘薯生产的重要因素。近年来，黑斑病、疮痂病、根腐病及薯瘟病等有蔓延趋势，危害大且缺乏有效治疗手段，病虫害成为制约生产的重要因素。二是种苗繁育质量整体偏低。由于甘薯缺乏有效的种薯（苗）繁育体系，甘薯脱毒苗的应用率仅 8%。甘薯用苗多为薯农自繁自育种苗，种性退化严重，容易感染病虫害，尤其是甘薯病毒病，严重影响甘薯产量和质量。三是甘薯产业对品种品质和抗性的需求越来越高。虽然我国培育出了一些适合于不同加工用途的甘薯新品种，但推广速度慢，可用于不同加工用途甘薯品种少、品质差，制约了加工业发展。四是新产品研发力度不足。甘薯加工主要以淀粉加工及粉丝、粉皮等传统食品为主，技术含量低，初加工制品多，深加工产品少，企业品牌意识薄弱，产业链有待进一步优化。

五、发展切入点

目前全世界报道的甘薯病毒共有 30 多种，我国已报道的甘薯病毒有 20 多种，而我国甘薯脱毒苗的应用率仅 8%，甘薯病毒严重制约了产业的高质量发展。甘薯脱毒苗是防治甘薯病毒病的最有效措施之一，使用脱毒甘薯苗，一般能提高甘薯产量 15%以上。因此，《广东甘薯产量提升实施方案（2023-2026 年）》提出，要建设以 1 个省甘薯健康种苗繁育中心为主导、N 个主产区健康种苗繁育分中心和大田繁育基地为依托的“1+N”脱毒种苗繁育体系，支持主产区扩建新建一批脱毒种苗繁育中心；争取到 2026 年广东省甘薯种植面积扩大到 290 万亩，年产脱毒种苗能力达到 27 亿株以上，脱毒种苗应用提高至 30%。相比目前仅 8%的甘薯脱毒苗应用率，未来 3 年甘薯脱毒苗将有巨大发展空间。

此外，甘薯作物我国第六大粮食作物，适宜机械化作业，甘薯脱毒苗市场需求量大，符合“大规模”的产业要求；甘薯脱毒苗涉及植物组织培养、病毒检测、三级扩繁，技术要求高，投资成本大，符合“高门槛”的产业要求；甘薯脱毒苗需要经历三级扩繁和供种体系，完整的育苗时间长，符合“长周期”发产业要求。同时，采用工厂化育苗方式繁育甘薯脱毒苗，加快发展现代设施农业，符合广东农垦“现代农业的引领者”的发展定位。因此，有必要以甘薯脱毒苗繁育作为广东农垦探索发展甘薯产业的切入点。

六、有关建议

建议广东农垦发挥土地优势，整合科技资源，利用广东省关于发展甘薯产业的利好政策，以甘薯脱毒苗繁育为切入点，融入广东省甘薯产业发展一盘棋；依托省甘薯健康种苗繁育中心，争取创建 1 家健康种苗繁育分中心和多个大田繁育基地。同时，广东农垦地处南方秋冬薯区，是全国少有的能周年种植和供应甘薯的区域，具有冬种甘薯的区域优势；且在北方薯区春种前，还能抢先上市脱毒苗。应发挥广东农垦的区域优势，瞄准广东地区冬种甘薯苗和北方春种甘薯苗市场，错峰上市，填补市场空白，提高甘薯脱毒苗应用率，助推甘薯产业高质量发展，坚守国家粮食安全底线和践行乡村振兴战略。

李树叶部真菌性病害病原鉴定及快速检测技术研究

郑伟钰^{1,2}, 鲁萌萌¹, 郭堂勋¹, 黄穗萍¹, 陈小林¹, 唐利华¹, 李其利^{1*}

1. 广西壮族自治区农业科学院植物保护研究所/农业农村部华南果蔬绿色防控重点实验室/广西作物病虫害生物学重点实验室, 广西南宁 530007; 2. 长江大学生命科学学院, 湖北荆州 434025

摘要: 近年来, 我国许多李树种植地区均发生了严重的叶部真菌性病害, 导致大量李树叶片坏死、枯萎和脱落, 严重制约了我国李树产业的发展。通过对我国广西壮族自治区和四川省主要李产区的 100 份李树叶部真菌性病害样本进行病原菌的分离纯化, 获得 295 株真菌。基于菌落形态和 ITS 序列初步鉴定, 可分为 15 个属。其中优势属群为炭疽菌属、镰刀菌属和叶点霉属, 分别占 57.0%、13.2%和 9.5%。联合多基因系统发育分析、形态学以及致病性测定的方法对三个优势属作进一步鉴定分析, 结果发现炭疽菌属真菌分为 8 种: *Colletotrichum aeschynomenes*、*C. celtidis*、*C. fructicola*、*C. gloeosporioides*、*C. siamense*、*C. karstii*、*C. phyllanthi* 和 *C. plurivorum*, 其中 *C. fructicola* 为优势种; 镰刀菌属真菌分为 8 种: *F. citri*、*F. humuli*、*F. ipomoeae*、*F. pernambucanum*、*F. sulawesiense*、*F. concentricum*、*F. fujikuroi* 和 *F. kyushuense*, 其中 *F. sulawesiense* 为优势种; 叶点霉属真菌鉴定为 *Phyllosticta capitalensis*。明确了导致我国广西壮族自治区和四川省主要李产区的李树叶部真菌性病害的优势病原菌种类及其分布。

基于 ApMAT 序列设计出 1 对针对优势病原菌 *C. fructicola* 和 3 对针对 *C. siamense* 的 PCR 特异性引物, 灵敏度最高可达到 $100\text{fg}\cdot\mu\text{L}^{-1}$, 利用 4 组引物均能从人工接种的李树和田间李树叶片样品中快速稳定地检测出病原菌。应用该引物对不同时间田间李树嫩叶的 *C. fructicola* 和 *C. siamense* 带菌情况进行检测, 结果发现, 2022 年 3 月至 7 月采集的李树叶片样品中, 3 月份能检测出病原菌的样品数量极少, 4-6 月叶片带菌率逐渐增加, 6 月份叶片带菌率达到最高。本研究建立的特异性 PCR 检测方法为果生炭疽菌和暹罗炭疽菌导致的李树炭疽病田间的监测预警、快速诊断提供了技术支持, 为李树炭疽病防控策略的制定提供了科学依据。

关键词: 李叶部真菌性病害, 病原鉴定, 果生炭疽菌, 暹罗炭疽菌, 特异性分子检测

基金项目 广西重点研发计划项目 (桂科 AB20159041)。

作者简介 郑伟钰 (1999—), 女, 硕士研究生, 研究方向: 果树病害防治技术研究; *通信作者 (Corresponding author): 李其利 (Li Qili), E-mail: 65615384@qq.com;

热区菠萝施肥管理研究及其生态效益评价

李长江，梁正灏，金鑫，邓燕，蔡金文，符春敏

海南大学热带农林学院，507228

摘要：为提高菠萝产量，大量化肥被使用，造成肥料利用率低，土壤酸化及环境污染等问题。优化施肥已成为促进菠萝产业可持续发展的重要措施。本研究通过从 2017-2022 年在明确菠萝施肥现状及菠萝养分利用规律的基础上，设置菠萝优化施肥试验和化肥替代试验，结合对土壤和菠萝植株指标的研究，初步构建了菠萝优化施肥管理体系，并通过生命周期评价的方法对其可持续性进行了评价。结果表明：菠萝施肥存在施肥量大，施肥时期与比例不合理的问题；从快速生长期到现红期是营养物质需求最多的阶段，氮、磷、钾等吸收量超过总吸收量的 70%；海南菠萝推荐施肥量为 N 450 ~ 600 kg/hm²、P₂O₅ 120 ~ 225 kg/hm²、K₂O 525 ~ 675 kg/hm²，且优化施肥较常规施肥能显著提高菠萝产量。另外，在优化施肥的基础上，用有机肥和缓控肥分别替代 20%和 15%的化肥能进一步提高菠萝产量，增加可溶性糖含量。从碳氮足迹来看，菠萝管理中，N 淋失是最大的活性氮损失途径；菠萝农田土壤是最大的温室气体排放源；优化施肥能显著降低碳氮损失、碳氮足迹及产投比；有机缓释替代下碳氮足迹最低。可见优化施肥增加菠萝产投比和净生态经济效益，降低环境损害成本；且有机缓释替代下净生态经济效益最高，为高产、高效、绿色、可持续的菠萝施肥管理措施。

热区植原体遗传多样性与其病害传播流行关系研究

于少帅^{1*}, 车海彦², 宋薇薇¹

1. 中国热带农业科学院椰子研究所, 海南文昌 571339;

2. 中国热带农业科学院环境与植物保护研究所, 海南海口 571101

摘要: 植原体于 1967 年首次报道, 基于植原体保守基因及国际植原体分类鉴定标准, 目前植原体已鉴定 37 个 16Sr 组和 48 个植原体候选种, 引起全球 1000 多种植原体病害, 其中我国已报道植原体病害约 200 种。热带地区生物多样性丰富, 海南岛是我国典型的热带岛屿省份, 植原体病害约占我国植原体病害的四分之一。目前在海南岛已鉴定、报道引起植物病害的植原体有 4 个组, 分别为 16SrI、16SrII、16SrV、16SrXXXII, 其中 16SrI、16SrII 所占比例较高。本团队前期在海南岛已鉴定植原体病害 20 余种, 其中 10 余种植原体病害为首次鉴定报道。经同源比对、变异位点分析等表明不同植物寄主中的植原体同源性极高, 有的株系间甚至高达 100%。植原体不能分离培养, 目前研究表明其传播主要通过寄主植物与媒介昆虫。植原体不同寄主间植原体高同源性, 可能导致该类病原在不同寄主间植原体存在互传现象。国内外已有多项研究表明, 植原体可能不同寄主植物中相互传播, 导致不同寄主植物植原体病害的发生流行。本团队前期在槟榔黄化病发病园内及周围, 已鉴定苦楝等 7 种寄主植物的植原体与海南槟榔黄化植原体保守基因序列同源性为 100%, 结合槟榔病园发病历史、病情发展等调查, 推测植原体可能在其高同源性植物寄主间相互传播, 因此, 在相关经济作物植原体等难培养微生物病害的防控过程中, 中间寄主是一个不可忽视的问题。植原体寄主的多样性, 导致其传播流行的复杂性 with 检测防控的困难性。国外一些致死性棕榈作物病害, 如椰子、油棕等, 国内虽未见发病报道, 但经基因数据比对分析发现, 高同源性 (甚至 100%) 的植原体株系国内已存在, 传播风险极大, 因此, 定期开展岛内关键作物植原体等病原物“项目”的定期“体检”, 明确植原体等在自然条件下的寄主多样性及特征, 对于其相关病害的精准监测与有效防控具有重要意义。

关键词: 植原体; 系统分类; 遗传多样性; 中间寄主; 病害传播流行

基金项目 海南省自然科学基金高层次人才项目 (No. 320RC743); 中国热带农业科学院中央级公益性科研院所基本科研业务费专项 (No. 1630152021005, 1630152022004)。

作者简介 *通信作者 (Corresponding author): 于少帅 (YU Shaoshuai), E-mail: hzyuys@163.com。

香蕉枯萎病菌的遗传进化及分子检测研究

摘要：香蕉枯萎病的发生严重制约了世界香蕉产业的发展，中国作为第二大产蕉国，枯萎病发生尤为严重。快速准确地鉴定病原菌对阻止该病的传播和蔓延至关重要。然而，由于香蕉枯萎病菌具有丰富的遗传多样性，而目前已开发的分子快速检测技术欠缺中国菌株的验证。另外，香蕉枯萎病菌包含多个生理小种，目前也缺乏一套整合的病菌精准检测分子检测体系。本研究在全国香蕉主产区的 37 个市，87 个县（区），203 个乡镇系统采集香蕉枯萎病样品，分离保存香蕉枯萎病菌 423 株，建立了全面系统的中国香蕉枯萎病菌菌种资源库。借助香蕉枯萎病菌国际标准 VCG 菌株测试，明确了我国存在的香蕉枯萎病菌 VCG 类群为 11 个，并完成了所有菌株的致病性测定。进一步基于 SIX、RPB 和 TEF 等多个基因解析了中国香蕉枯萎病菌的遗传多样性。在次基础上，借助中国及周边地区的 103 株香蕉枯萎病代表性菌株对近年来已发表的 10 对 PCR 检测引物进行了适用性评价。筛选出适用于中国及周边东南亚国家香蕉枯萎病检测的一套引物，并整合建立了香蕉枯萎病分子检测体系，开发出一套香蕉枯萎病核酸检测试剂盒。研究结果可为香蕉枯萎病的田间防控提供技术支持，并为下一步香蕉枯萎病致病机制的深入解析和抗病育种的选育奠定基础。

报告人简介：付岗，男，博士，研究员；广西农业科学院植物保护所生物防治研究室主任，香蕉病害研究团队负责人。广西热带作物学会理事、广西植物病理学会理事。兼任广西大学、福建农林大学、南阳师范学院硕士生导师，国家自然科学基金、广西科技计划项目/科技奖评审专家。

主要从事香蕉等（亚）热带作物病害的病原学及生物防治研究。近年来，共主持各类科研项目 27 项，其中国家自然科学基金 2 项；省部级项目 10 项。获得科技奖励 6 项，其中广西科技进步奖二等奖 1 项、神农中华农业科技奖 2 项、广西农牧渔业丰收奖 2 项，中国产学研合作创新成果奖二等奖 1 项。共发表论文 73 篇，其中 SCI 论文 14 篇。主编出版著作 7 部。获得授权国家专利 5 项，颁布实施广西地方标准 2 项。

联系方式：付岗 E-mail: fug110@gxaas.net; 手机/微信: 13977155450

湛江蔗区螟虫动态监测

黄亮松

摘要: 甘蔗螟虫是甘蔗主要虫害之一,严重影响甘蔗生长,为摸清湛江蔗区螟虫种群结构及螟虫发生规律,在湛江雷州丰收蔗区及遂溪广前蔗区各设置螟虫监测点,以黄螟、条螟、二点螟、白螟、草地贪夜蛾与粘虫为监测对象,使用螟虫性诱剂诱捕螟虫成虫,定期调查各螟虫数量,总结螟虫发生规律。监测结果显示,湛江雷州丰收蔗区螟虫优势种群为黄螟、条螟,遂溪广前蔗区螟虫优势种群为黄螟。

关键词: 甘蔗; 螟虫; 性诱剂; 监测

Dynamic monitoring of sugarcane borers in Zhanjiang sugarcane region

Abstract: Sugarcane borer is one of the main pests in sugarcane, which seriously affects the growth of sugarcane. In order to understand the population structure and occurrence patterns of sugarcane borers in the Zhanjiang sugarcane growing area, monitoring points for sugarcane borers were set up in the Leizhou high-yield sugarcane growing area and Suixi Guangqian sugarcane growing area in Zhanjiang. Yellow borers, striped borers, two point borers, white borers, grassland armyworm, and armyworm were monitored, and moths were used as bait to trap adult borers. The number of each borer was regularly surveyed and the occurrence patterns of borers were summarized. The monitoring results show that the dominant populations of stem borers in the high-yield sugarcane area of Leizhou, Zhanjiang are yellow stem borer and striped stem borer, while the dominant population of stem borers in the Guangqian sugarcane area of Suixi is yellow stem borer.

Keywords: sugarcane; borer; pheromone; monitoring

应用 SSR 和 InDel 标记鉴定槟榔杂交子代的真实性

齐兰^{1*}, 黄丽云¹, 杨玉娟², 尹永梅², 张雨洁³, 刘帆¹

1 中国热带农业科学院椰子研究所, 海南省槟榔产业工程研究中心, 文昌, 571339; 2 云南农业大学, 热带作物学院, 昆明, 650500; 3 华中农业大学, 植物科学技术学院, 武汉, 430070

摘要 本研究通过筛选亲本间有差异的 SSR 和 InDel 引物, 对 2 个杂交后代 F₁ 群体的真实性进行鉴定。利用槟榔 ‘38-1’、‘97-7’ 为亲本杂交获得子代 17 株, ‘G179’ 和 ‘G192’ 为亲本杂交获得子代 94 株。采用聚丙烯酰胺凝胶电泳法在 4 个亲本中筛选扩增条带清晰、稳定并且在父本中出现特异性条带的引物, 用于杂交种子代鉴定。筛选出 3 对 SSR 引物和 3 对 InDel 引物用于 ‘38-1’ × ‘97-7’ 杂交组合子代鉴定, 真杂种比率为 94.00%。筛选出 3 对 InDel 引物用于 ‘G179’ × ‘G192’ 的杂交组合子代鉴定, 真杂种比率为 100.00%。结果表明, 本研究筛选的 SSR 标记和 InDel 标记可有效地应用于槟榔杂交后代真实性鉴定, 为槟榔杂交育种及遗传改良奠定了重要基础。

关键词 槟榔; SSR; InDel; 分子标记; 杂种鉴定

蔬菜害虫轻简化绿色防控技术

高建明¹ 谭施北² 易克贤² 陈河龙² 张世清¹

中国热带农业科学院热带生物技术研究所, 海南海口, 571101;

中国热带农业科学院环境与植物保护研究所, 海南海口, 571101;

高建明, E-mail: gjmhust@163.com

摘要: 害虫绿色防控因成本高等原因, 防控以化学农药为主。大棚蔬菜害虫轻简化绿色防控的做法是, 同种同收、以便一起犁地、晾地; 大棚上使用 29 目的防虫网(孔径约 0.7 毫米), 订网时, 让厂家在大棚两侧或三面的网上安装拉链; 采收后, 在棚顶四角挂黄色粘虫板, 拉开拉链, 犁地后, 晾地七天以上, 使虫子因缺乏食物迁走或饿死, 未迁出的被四角的黄板杀灭, 播种后拉上拉链; 没有拉链的棚, 采收后, 在棚内四周肩高位置、每隔 1 米挂 1 张黄板, 并且检查网上是否有虫卵块, 若有、予以摘除。不使用大棚种植的, 晾地播种后, 直接覆盖 29 目的防虫网。大宗叶类蔬菜一般不用打杀虫剂。

特色產業
振興鄉村

