



夏善勇,牛志敏,李庆全,等. 马铃薯晚疫病致病疫霉菌遗传多样性及防治研究进展[J]. 黑龙江农业科学,2022(12):89-94.

# 马铃薯晚疫病致病疫霉菌遗传多样性及防治研究进展

夏善勇,牛志敏,李庆全,张丽娟,南向日,盛万民

(黑龙江省农业科学院 经济作物研究所/黑龙江省马铃薯生物学与品质改良重点实验室,黑龙江 哈尔滨 150086)

**摘要:**由致病疫霉菌[*Phytophthora infestans* (Montagne) de Bary]引起的马铃薯晚疫病是马铃薯生产最具毁灭性的病害之一,具有发生范围广、流行速度快、为害损失重、防治难度大的特点。为了进一步了解马铃薯晚疫病的发生发展规律,更好地防治马铃薯晚疫病。本文将马铃薯晚疫病症状、发病因素、致病疫霉菌遗传多样性等进行归纳,综合分析了各种防治措施的优势及不足。对未来晚疫病研究重点进行了展望,提出3点建议,(1)严格落实种薯检疫检测制度,推进无菌种薯的推广使用;(2)持续监控马铃薯主产区致病疫霉菌的致病型变化,结合晚疫病监测预警系统,混合或轮换使用杀菌剂;(3)扩大生防微生物应用范围、完善有效菌株的筛选方法、发掘新的具有广谱和持久抗性的抗晚疫病基因,不断落实完善马铃薯抗病育种的发展方向。

**关键词:**马铃薯晚疫病;遗传多样性;防治措施

马铃薯(*Solanum tuberosum* L.)是仅次于水稻、小麦和玉米的第四大粮食作物,是我国种植业结构调整、农业增效及农民增收的重要作物之一。2015年我国实施马铃薯主粮化战略以来,马铃薯产业得到长足发展,种植面积与总产量均居世界首位,目前我国已成为世界马铃薯第一生产大国,根据联合国粮食与农业组织(FAO)统计数据,2019年我国马铃薯种植面积达491.47万hm<sup>2</sup>,鲜薯产量约9188.14万t。但是马铃薯平均单产始终处于较低水平,其中,由致病疫霉菌[*Phytophthora infestans* (Montagne) de Bary]引起的晚疫病是限制马铃薯产量的重要因素。晚疫病是一种典型的气候型流行性病害,对马铃薯生产具有毁灭性,可造成茎叶死亡和块茎腐烂,导致马铃薯产量大幅度下降,严重时造成大面积绝产,其危害程度已超过水稻稻瘟病和小麦锈病,被视为国际第一大作物病害。马铃薯晚疫病起源于墨西哥中部地区<sup>[1]</sup>,在19世纪30年代随海上运输逐渐传入欧洲,造成“爱尔兰饥荒”,我国于1940年首先在四川重庆地区发现晚疫病,减产高达80%<sup>[2]</sup>。由于晚疫病在世界各个马铃薯种植区域频繁流行且防

治难度较大,对生产造成的危害日渐严重,1996年国际马铃薯中心召集并成立了全球马铃薯晚疫病防治倡议组织(GILB),马铃薯晚疫病的研究工作得到高度重视,被列为优先考虑的研究项目。近几年,受气候、品种、耕作方式等因素影响,马铃薯晚疫病在我国连年发生,年平均发生面积约197.47万hm<sup>2</sup>,占马铃薯总种植面积的40.66%,远高于其他病害,造成经济损失达10亿美元,严重制约着我国马铃薯产业的发展,威胁着粮食安全<sup>[3]</sup>。目前,国内外对马铃薯晚疫病发病因素、致病疫霉菌的交配型及生理小种的鉴定、防治方法等方面开展了大量研究,为了进一步了解马铃薯晚疫病的发生发展规律,本文拟对马铃薯晚疫病症状、发病因素、致病疫霉菌遗传多样性等进行归纳,总结马铃薯晚疫病现有防治措施及其优缺点的基础上,展望未来马铃薯晚疫病及防控措施的研究方向。

## 1 马铃薯晚疫病症状及发病因素

马铃薯晚疫病是由致病疫霉菌(*Phytophthora infestans*)引起的,除侵染马铃薯外,还可侵染番茄及其他50多种茄属植物。马铃薯晚疫病为全株型病害,主要危害叶和块茎。病害发生时,马铃薯植株的下部叶片首先发病,从叶缘或叶尖开始侵染,生成水渍状褪绿小斑点,在低温高湿的条件下,叶片背面在病斑边缘常有一层较稀疏的白色霉层;为害薯块时,表皮呈褐色或紫褐色不规则病斑,略有凹陷,病斑界限不明显,发病部位易受其他病菌的二次复合浸染而腐烂变质<sup>[4]</sup>。

收稿日期:2022-07-27

**基金项目:**中央引导地方发展专项“马铃薯全粉加工新品种筛选及配套技术的应用”(ZY21C02);国家重点研发计划重点专项(2017YFE0115700);黑龙江省马铃薯生物学与品质改良重点实验室条件建设;黑龙江省“百千万”工程科技重大专项“马铃薯优异种质创制及新品种选育”(2019ZX16B02-11)。

**第一作者:**夏善勇(1978—),男,学士,副研究员,从事马铃薯遗传改良研究。E-mail:xiashanyong@163.com。

**通信作者:**盛万民(1967—),男,博士,研究员,从事马铃薯遗传育种研究。E-mail:shengwanmin@163.com。

马铃薯晚疫病的发生、流行与温度、湿度和降雨量等有密切联系。17.0~22.5℃致病疫霉菌菌丝生长最快,产孢量最大<sup>[5]</sup>;大雾和露水较大的天气会增加茎和叶片的相对湿度,有利于致病疫霉菌孢子囊的形成和萌发<sup>[6]</sup>;晚疫病发病轻重取决于降水持续时间而不是降水强度,24 h内连续6 h降雨容易导致晚疫病的发生<sup>[7]</sup>。

## 2 致病疫霉菌遗传多样性

致病疫霉菌群体遗传结构包括表型特性和基因型结构。表型特性主要指病菌的交配型、对甲霜灵类药剂的敏感性以及生理小种组成;基因型结构研究可确定病原菌基因型水平的变化,从而推测其变异来源。

### 2.1 致病疫霉菌表型特性

2.1.1 交配型 交配型(Mating type)是致病疫霉菌重要的群体结构特征之一,目前主要有A1、A2、自育型(SF)3种交配型。20世纪50年代,在墨西哥首次发现了A2交配型,随后英国<sup>[8]</sup>、荷兰<sup>[9]</sup>、以色列<sup>[10]</sup>、日本<sup>[11]</sup>、德国<sup>[12]</sup>、立陶宛<sup>[13]</sup>等许多国家都陆续报道了A2交配型的存在。在我国,1996年张志铭等<sup>[14]</sup>首次报道分离自内蒙古和山西等地的马铃薯上存在A2交配型菌。李本金等<sup>[15]</sup>为明确福建省部分马铃薯产区晚疫病菌群体结构,2017—2019年对96株致病疫霉菌进行交配型测定,结果显示,A1交配型占5.21%,其余均为SF型;2018—2019年王喜刚等<sup>[16]</sup>对宁夏130株致病疫霉菌菌株进行交配型鉴定,结果表明,A2交配型为优势型,占被测菌株的63.8%,A1、SF交配型分别占被测菌株的30.0%和6.2%;2019—2020年张铨哲等<sup>[17]</sup>测定黑龙江省262株致病疫霉菌交配型,A1型为优势交配型,占所分离菌株81.3%,同时还存在A2和SF交配型。A2交配型的存在使致病菌有性生殖成为可能,其致病力及抗逆性远比A1型强。有性生殖的基因重组,导致病原菌侵袭力、寄生适合度提高,增强了其对生产的危害性<sup>[18]</sup>。

2.1.2 对甲霜灵敏感性 晚疫病的发生和流行与病原菌对甲霜灵的抗性程度有着密切关系。1981年Davidse<sup>[19]</sup>和Dowley等<sup>[20]</sup>首次报道在荷兰和爱尔兰出现抗甲霜灵的致病疫霉菌株,随后在世界许多国家先后报道致病疫霉菌对甲霜灵产生抗性的菌株出现。1998年李炜等<sup>[21]</sup>首先报道了我国致病疫霉菌对甲霜灵敏感性情况。2003年王英华等<sup>[22]</sup>对采自内蒙古的143株、采自甘肃的

41株致病疫霉菌进行甲霜灵抗性测定,结果内蒙古中度抗性以上菌株占93.3%,敏感菌株仅为6.7%,甘肃26.8%的菌株表现高度抗性,29.3%表现中度抗性,43.9%表现敏感;2018—2020年钱红洁等<sup>[23]</sup>对采自云南的301株致病疫霉菌采用菌落直径法进行甲霜灵敏感性测定,结果表明对甲霜灵抗性已达97.67%;2019—2020年张铨哲等<sup>[17]</sup>对黑龙江省262株致病疫霉菌甲霜灵抗性检测中,144株表现对甲霜灵高抗,占测试菌株55%,中抗性菌株和敏感性菌株占比分别为27.1%和17.9%。目前,抗性菌株出现的范围及频率呈现逐年扩大及上升趋势,有的地区高抗菌株已达到90%以上,这与长期大量、单一使用农药防治有关。

2.1.3 生理小种研究进展 生理小种是致病疫霉菌遗传多样性的重要表现型,可以直接反映致病疫霉菌群体表型结构的变化,其复杂度、进化机制与病害的流行、发生、发展有着密切的关系。1953年,Black等<sup>[24]</sup>提出了致病疫霉菌生理小种命名方法,根据致病疫霉菌在R0~R11的12个标准鉴别寄主上的亲和与不亲和反应来确定其生理小种。2016年田荟遥等<sup>[25]</sup>对采自东北三省的70株致病疫霉菌进行生理小种测定,结果表明能克服11个抗病基因的生理小种为优势小种,占27.13%;2018—2019年王喜刚等<sup>[16]</sup>鉴定出宁夏致病疫霉菌株生理小种有8种类型,其中生理小种1.2.3.4.5.6.7.8.9.10.11是宁夏优势小种。近年来,能克服11个主效抗性基因的超级小种在我国各省(自治区)普遍出现,甚至已成为优势小种,对病害的防控及马铃薯抗晚疫病育种工作提出了更加严峻的挑战。

### 2.2 致病疫霉菌基因型结构

2.2.1 线粒体DNA单倍型的应用 致病疫霉菌线粒体DNA基因型(mtDNA)因其单亲遗传、结构简单及提取方便等特点,已被广泛用于致病疫霉菌的遗传多样性分析。根据Griffith等<sup>[26]</sup>利用PCR-RFLP方法对致病疫霉菌群体mtDNA多态性的研究,将线粒体单倍型划分为4种,即Ia、IIa、Ib和IIb。2018年惠娜娜等<sup>[27]</sup>对甘肃省部分地区的130株致病疫霉菌进行mtDNA单倍型测定,结果从130株致病疫霉菌检测到Ia、IIa和IIb 3种mtDNA单倍型,发生频率分别为88.46%、3.85%和7.69%;李本金等<sup>[15]</sup>对福建省部分地区2017—2019年采集的96份致病疫霉菌mtDNA进行测定,其中Ia型占57.29%,IIa型占33.33%,

II b型占 9.37%。通过研究致病疫霉菌线粒体 DNA 单倍型的组成,对分析致病疫霉菌群体多样性的变化有一定的指导作用,进而评估和预测马铃薯晚疫病的发生和流行。

2.2.2 SSR 标记的应用 随着现代科学技术的发展,更多的学者在分子水平上对致病疫霉菌群体的遗传进化机制展开研究。其中 SSR (Simple Sequence Repeat Marker),具有高的可变性和基因组高覆盖率的特点,是遗传分析中强大的工具。2012 年 Small 等<sup>[28]</sup>报道采用 SSR 分子标记方法可以极大提高对致病疫霉菌基因型等分子水平分析上的效率。在我国,姚国胜等<sup>[29]</sup>首次采用 SSR 分子标记分析了 1996—2001 年采自河北省和黑龙江省不同地区的 58 个致病疫霉菌菌株,鉴定出 7 个 SSR 基因型;2009—2011 年田月娥<sup>[30]</sup>对西北商品薯产区、种质资源圃、种薯产区的晚疫病病样进行了系统密集的采集,利用 9 个通用的 SSR 标记将 959 个致病疫霉菌分离物划分为 151 个基因型;2011 年傅海静<sup>[31]</sup>用 8 对 SSR 引物对福建、云南两省的 185 株致病疫霉菌株基因型分析,共检测出 18 个基因型,其中福建省 17 个基因型,云南省致病疫霉菌菌株只有 1 个基因型;马丽杰<sup>[32]</sup>用 6 对标记对宁夏的 128 个致病疫霉菌进行基因型分析,鉴定到 38 个基因型;杨海平<sup>[33]</sup>利用 8 个 SSR 标记对 2008—2009 年的甘肃省 246 株致病疫霉菌分离物进行了微卫星分子标记分析,检测到 109 个基因型;2015 年疏燕<sup>[34]</sup>利用 6 对引物从来自湖南省、福建省和安徽省的 90 份致病疫霉菌菌株中鉴定出 35 个不同 SSR 基因型。SSR 标记技术能有效地帮助了解致病疫霉菌群体遗传变化,从而掌握其遗传迁移、传播、流行规律等,为马铃薯晚疫病的防治提供理论基础。

### 3 马铃薯晚疫病防治措施

#### 3.1 农艺措施

合理的农业栽培措施是控制病害发生、流行的有效途径之一。中耕高培土结合科学施肥,可减轻马铃薯晚疫病发生。杜海涛等<sup>[35]</sup>通过不同垄作方式对马铃薯晚疫病抗病效果试验表明,30 cm 高垄配合 80 cm 宽距,晚疫病发病率最低,产量最高;科学的肥量配比,可提高马铃薯植株免疫力,减轻病害发生。杨瑒等<sup>[36]</sup>探究了不同氮水平与晚疫病发生的关系,发现中氮水平植株抗性增强,而高、低氮水平植株的抗病能力明显降低;轮作套作对马铃薯晚疫病有一定的防控效果。李毅

等<sup>[37]</sup>采用马铃薯套种玉米栽培模式,发现套作栽培模式植株病丛率、病叶率及病情指数显著低于净地栽培,并且病害高发期比对照地块推迟 12 d,有明显增产作用;深翻可减缓马铃薯连作障碍,谢奎忠等<sup>[38]</sup>发现深翻处理的马铃薯晚疫病发病率比连作低 15.00%~37.50%,病情指数比连作低 57.03%~80.44%,另土层置换和土壤表层杀菌消毒处理均可提高土壤中脲酶、蔗糖酶等酶的活性,从而降低由于马铃薯连作障碍而产生的晚疫病病情指数<sup>[39]</sup>。农艺措施具有生产成本低、绿色环保,能有效保持土壤生态平衡,技术易于推广普及等优势,但在马铃薯主产区大面积轮作倒茬往往难以实现。

#### 3.2 化学防治

化学药剂防治具有见效快、易于操作等优点,是防控马铃薯晚疫病的重要措施。李岩等<sup>[40]</sup>研究 5 种药剂拌种处理对马铃薯晚疫病的防治效果。结果表明,50%多菌灵可湿性粉剂 100 g·(667 m<sup>2</sup>)<sup>-1</sup>防治效果达到 69.17%,较对照增产 26.61%;田琴等<sup>[41]</sup>采用生长速率法测定了 6 种杀菌剂对马铃薯晚疫病病菌的毒力。结果表明,双炔酰菌胺的毒力最强,其 EC<sub>50</sub> 值为 0.029 μg·mL<sup>-1</sup>;高雪冬<sup>[42]</sup>对 5 种杀菌剂防治效果进行药剂筛选试验,结果表明,68.75%氟吡菌胺·霜霉威悬浮剂防治效果最佳,第二次叶面喷施后 14 d 的防效达到 80.10%,晚疫病病情指数为 0.80;惠娜娜等<sup>[43]</sup>以 7 种杀菌剂为材料开展田间防效试验,结果表明,50%氟啶胺悬浮剂 15 g·(667 m<sup>2</sup>)<sup>-1</sup>叶面喷施对晚疫病的终防效为 90.02%,显著高于其他处理;庞杰等<sup>[44]</sup>选用 6 种药剂进行马铃薯晚疫病防治效果比较试验,以 68.75% 氟菌·霜霉威悬浮剂 80 mL·(667 m<sup>2</sup>)<sup>-1</sup>的防治效果最佳,施药后 10 和 14 d,防治效果分别为 82.48%和 81.84%。随着化学药剂的大量使用,晚疫病病菌产生了不同程度的抗药性,同时对环境造成污染、危害人类健康,与现代人们追求的绿色农业相矛盾。

#### 3.3 选育抗病品种

选育和利用抗病品种是防治马铃薯晚疫病病害最经济、有效的措施,但目前还没有选育出对该病害免疫的品种。赵艳群等<sup>[45]</sup>在榆林市对 14 个当地主栽品种进行田间抗病性评价及产量测定,结果表明,青薯 9 号等 3 个品种(系)在抗病性及产量方面表现优异,适合推广;李华青等<sup>[46]</sup>对 100 份马铃薯品种(系)进行晚疫病抗性评价,鉴定结果为云薯 501 等 9 份材料表现为高抗;何烈干等<sup>[47]</sup>



采用室内接种和田间自然病圃法对 35 份马铃薯种质材料进行晚疫病抗性鉴定,结果表明,中薯 17 号等 6 份材料表现为高抗或抗病。近年来,随着分子生物学及基因工程技术的迅速发展,科学家运用生物技术手段,进行优异种质基因的聚合创新,从遗传工程角度来探索抗晚疫病的育种途径。王余明<sup>[48]</sup>将 *AtCIPK23* 基因转入栽培品种中获得 4 株转基因植株,采用喷雾法对其接菌,5 d 后对照品种均不同程度感病,并有逐渐加重的趋势,而 4 株转基因株系未见感病;朱素贤<sup>[49]</sup>将 3 个不同来源的抗病基因 (*Rpi-sto1*、*Rpi-vnt1.1* 和 *Rpi-blb3*) 通过转基因技术聚合到感病品种中,从而显著提高了马铃薯抗病性;Ghislain 等<sup>[50]</sup>将 3 个广谱抗性基因 *Rpi-blb1*、*Rpi-blb2* 和 *Rpi-vnt1.1* 聚合到非洲的两个马铃薯感病品种中,当所有 3 个 *Rpi* 基因叠加时,极端抗性的频率从单个 *Rpi* 基因的 3%~9% 上升到 75%。虽然关于马铃薯抗晚疫病育种方面研究涉及范围较广并取得较大进展,先后育成了具有一定晚疫病抗性的马铃薯品种,但目前生产上的主栽品种遗传背景相对狭窄,导致抗病基因的种类和数量较少,同时晚疫病菌生理小种复杂多变及适应能力强等特性决定了马铃薯抗晚疫病育种研究仍面临巨大困难。

### 3.4 生物防治

生物防治以其无污染、无残留、高选择性、不易产生抗药性和安全性好等优点,将成为马铃薯晚疫病防治的主要措施。Fachouri 等<sup>[51]</sup>从菌株 G308 中分离到一种新的抗生素 Cbs,能够在体外抑制 *P. infestans* 的孢子萌发和菌丝体生长;Elsherbiny 等<sup>[52]</sup>试验结果显示木霉菌挥发物对马铃薯晚疫病的侵染抑制率高达 94.1%;韩龙<sup>[53]</sup>采用生长速率法筛选出的解淀粉芽孢杆菌 (*Bacillus amyloliquefaciens*) 无菌体发酵液对马铃薯晚疫病菌有较强拮抗作用,其 4% 的发酵液对致病疫霉的抑制率高达 100.00%;吴艳清等<sup>[54]</sup>以滤纸片法和离体组织培养法检测枯草芽孢杆菌 (*Bacillus subtilis*) WL2 预防马铃薯晚疫病的潜力,结果表明 WL2 菌株可产 iturinA 和 surfactin 两类脂肽物质,对致病疫霉菌菌丝恢复生长速度、疫霉孢子萌发和释放游动孢子比率有显著抑制作用,预防马铃薯晚疫病方面具有较大的潜力;万安琪等<sup>[55]</sup>自马铃薯晚疫病病叶上分离鉴定一株短小芽孢杆菌 (*Bacillus pumilus*),菌液能使致病疫霉菌丝变形,其抑菌率达到 94.44%,在马铃薯块茎切片上对晚疫病的预防效果为 73.40%;崔月贞等<sup>[56]</sup>采用

平板对峙法对分离自高寒草地牧草的韦氏芽孢杆菌 (*Bacillus weihenstephanensis*) 进行抑菌能力测定,抑菌率为 78.41%。生物源制剂在一定程度上弥补了化学杀菌剂的缺点,但目前研究仍处于研发和验证阶段,生防菌在防治过程中易受生态环境的影响,难以保证田间防治效果的有效及稳定。

### 3.5 预警预报系统的应用

化学药剂防治马铃薯晚疫病普遍存在用药不及时和剂量过大等问题,因此,及时准确地预报马铃薯晚疫病的发生是防治马铃薯晚疫病的重要措施之一。目前,国际应用较多的有比利时的 CARAH 模型和丹麦的 NegFry 模型。2001 年谢开云等<sup>[57]</sup>引入比利时 CARAH 预警模型,已在我国马铃薯主产区 500 多个监测点进行应用,观测圃预测值与田间实际发生基本吻合,系统指导防治的防效达 95% 以上,农药施用减少 17%~25%<sup>[58]</sup>;闵凡祥等<sup>[59]</sup>利用丹麦 NegFry 模型指导马铃薯晚疫病化学防控,取得了减药增效、增产提质的效果。为充分发挥马铃薯晚疫病预警预报的作用,应明确各地区病原菌的致病型与抗药性,了解主栽品种抗病性、准确掌握气候数据,为科学精准地开展马铃薯晚疫病绿色防控提供技术支撑。

## 4 展望与建议

马铃薯晚疫病作为马铃薯生产第一大病害,其发生和流行给马铃薯产业的发展造成严重障碍。未来对马铃薯晚疫病的防治及研究,建议从以下几个方面进行:严格落实种薯检疫检测制度,无菌种薯的推广使用,是减轻马铃薯晚疫病发生的重要保证;同时,持续监控马铃薯主产区致病疫霉的致病型变化及明确各地优势菌株,对精准、高效防控晚疫病具有重要意义;结合晚疫病监测预警系统,混合或轮换使用杀菌剂,准确掌握防治时间及用量,取得较好防效的同时,能在一定程度延缓病原菌的抗药性,增加经济效益;扩大生防微生物应用范围、完善有效菌株的筛选方法以及改善他们对环境条件的适应性是实现绿色农业的重要保证。抗病机制有待进一步深入研究,获得优异抗病种质资源是培育抗病品种的基础和核心,发掘新的具有广谱和持久抗性的抗晚疫病基因及多个抗病基因聚合是马铃薯抗病育种的发展方向。

### 参考文献:

- [1] GOODWIN S B, SPIELMAN L J, MATUSZAK J M, et al. Clonal diversity and genetic differentiation of *Phytophthora infestans* populations in Northern and Central Mexico[J]. Phytopathology, 1992, 82(9): 955-961.

- [2] 范娟. 马铃薯抗晚疫病资源筛选的研究[D]. 哈尔滨: 东北农业大学, 2005.
- [3] 李洁, 闫硕, 张芳, 等. 近年来中国马铃薯晚疫病的时空演变特征及防控情况分析[J]. 植物保护学报, 2021, 48(4): 703-711.
- [4] HAVERKORT A J, BOONEKAMP P M, HUTTEN R, et al. Societal costs of lateblight in potato and prospects of durable resistance through cisgenic modification[J]. Potato Research, 2008, 51(1): 47-57.
- [5] KABLE P F, D R MACKENZIE. Survival of *Phytophthora infestans* in potato stem lesions at high temperatures and implications for disease forecasting[J]. Plant Disease, 1980, 64: 165-167.
- [6] HARRISON J G. Effects of the the aerial environment on late blight of potato foliage: a review[J]. Plant Pathology, 1992, 41: 384-416.
- [7] CAO K Q, M RUCKSTUHL, H R FORRE. Crucial weather condition for *P. infestans*: a reliable tool for improved control of potato late blight[J]. PAV-Special Report, 1997, 1: 85-90.
- [8] TANTIUS P M, FYFE A M, SBAW D S. Occurrence of the A2 mating type and self-fertile isolates of *Phytophthora infestans* in England and Wales[J]. Plant pathology, 1986, 35: 578-581.
- [9] FRINKING H D, DAVIDSE L C, Limburg H. Oospore formation by *Phytophthora infestans* in host tissue after inoculation with isolates of opposite mating type found in the Netherlands[J]. Netherlands Journal of Plant Pathology, 1987, 93: 147-149.
- [10] GRINBERGER M, KADISH D, COHEN Y. Occurrence of the A2 mating type and oospores of *Phytophthora infestans* in potato crops in Israel[J]. Phytoparasitica, 1989, 17(3): 197-204.
- [11] MOSA A A, KOBAYASHI K, OGOSHI A. Formation of oospores by *Phytophthora infestans* in potato tissues[J]. Annals of the Phytopathological Society of Japan, 1991, 57: 384-388.
- [12] MÖLLER K, DILGER M, HABERMEYER J, et al. Population studies on *Phytophthora infestans* on potatoes and tomatoes in southern Germany[J]. European Journal of Plant Pathology, 2009, 124(4): 659-672.
- [13] RUNNO P E, RONIS A H M. Lithuanian populations of *Phytophthora infestans* revealed a high phenotypic diversity[J]. Journal of Plant Diseases and Protection, 2015, 122(2): 57-65.
- [14] 张志铭, 李玉琴, 田世民, 等. 中国发生马铃薯晚疫病病菌 (*Phytophthora infestans*) A2 交配型[J]. 河北农业大学学报, 1996, 19(4): 62-65.
- [15] 李本金, 王荣波, 刘裴清, 等. 福建省部分马铃薯产区晚疫病菌群体结构研究[J]. 植物保护, 2022, 48(1): 104-109, 115.
- [16] 王喜刚, 郭成瑾, 张丽荣, 等. 宁夏马铃薯晚疫病病菌交配型和生理小种研究[J]. 植物保护, 2022, 48(1): 227-233.
- [17] 张铨哲, 任雪琦, 赵雪, 等. 黑龙江省马铃薯晚疫病病菌 (*Phytophthora infestans*) 群体动态分析[J]. 东北农业大学学报, 2021, 52(10): 11-20.
- [18] TOOLEY P W, SWEIGARD J A, FRY W E. Fitness and virulence of *Phytophthora infestans* isolates from sexual and asexual populations[J]. Phytopathology, 1986(11): 1209-1212.
- [19] DAVIDSE L C, LOOIJEN D, TURKENSTEEN L J, et al. Occurrence of metalaxyl-resistant strains of *Phytophthora infestans* in Dutch potato fields[J]. Netherlands Journal of Plant Pathology, 1981, 87: 65-68.
- [20] DOWLEY L J, O' SULLIVAN E. Metalaxyl-resistant strains of *Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary in Ireland[J]. Potato Research, 1981, 24(4): 417-421.
- [21] 李炜, 张志铭, 樊慕贞. 马铃薯晚疫病菌对瑞毒霉抗性的测定[J]. 河北农业大学学报, 1998(2): 63-65.
- [22] 王英华, 国立耘, 梁德霖, 等. 马铃薯晚疫病菌在内蒙古和甘肃的交配型分布及对几种杀菌剂的敏感性[J]. 中国农业大学学报, 2003, 8(1): 78-82.
- [23] 钱红洁, 刘霞, 郭琳, 等. 云南省马铃薯春作区晚疫病菌对甲霜灵敏感性测定[J]. 西北农业学报, 2021, 30(7): 1083-1088.
- [24] BLACK W, MASTENBROEK C, MILLS W R, et al. A proposal for an international nomenclature of races of *Phytophthora infestans* and of genes controlling immunity in *Solanum demissum* derivatives[J]. Euphytica, 1953, 2(3): 173-179.
- [25] 田荟遥, 蒋继志, 侯宁, 等. 马铃薯晚疫病菌生理小种鉴别寄主的组培条件优化及部分生理小种的鉴定[J]. 河北农业大学学报, 2017, 40(5): 78-83.
- [26] GRIFFITH G W, SHAW D S. Polymorphisms in *Phytophthora infestans*: Four mitochondrial haplotypes are detected after PCR amplification of DNA from pure cultures or from host lesions[J]. Applied & Environmental Microbiology, 2003, 17(28): 5065-5080.
- [27] 惠娜娜, 王立, 李继平, 等. 甘肃省部分地区马铃薯晚疫病菌交配型及线粒体 DNA 单倍型分析[J]. 植物保护, 2022, 48(2): 177-182.
- [28] SMALL I M, MYERS K, DANIES Q, et al. Characterization of recent clonal lineages of *Phytophthora infestans* in the United States using microsatellite markers[J]. Phytopathology, 2012, 102(S4): 110.
- [29] 姚国胜, 王俊山, 杨英茹, 等. 河北省和黑龙江省马铃薯晚疫病菌 SSR 基因型分析[J]. 科技导报, 2008, 26(5): 35-39.
- [30] 田月娥. 我国西北马铃薯主产区晚疫病菌群体遗传多样性研究[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2015.
- [31] 傅海静. 福建和云南马铃薯晚疫病菌群体遗传结构的初步研究[D]. 福州: 福建农林大学, 2011.
- [32] 马丽杰. 马铃薯种质资源圃晚疫病菌的遗传多样性研究及种薯处理防控田间晚疫病试验[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2011.
- [33] 杨海萍. 甘肃省马铃薯晚疫病菌的群体遗传多样性分析[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2011.
- [34] 疏燕. 安徽、福建和湖南马铃薯晚疫病菌群体遗传结构的初步研究[D]. 南京: 南京农业大学, 2015.
- [35] 杜海涛, 文超. 茎作方式对马铃薯晚疫病抗病效果的研究

- [J]. 农技服务, 2016, 33(8): 16-9.
- [36] 杨场, 靳学慧, 周燕. 氮水平对马铃薯抗晚疫病和薯块产量的影响[J]. 安徽农业科学, 2013, 41(22): 9309-9312.
- [37] 李毅, 张维开, 潘锡梅, 等. 玉米套作对马铃薯晚疫病的抗性监测试验[J]. 植物医生, 2013, 26(1): 35-36.
- [38] 谢奎忠, 陆立银, 罗爱花. 不同栽培措施对连作马铃薯土壤真菌、真菌性病害和产量的影响[J]. 中国蔬菜, 2013(2): 70-75.
- [39] 张宏雷, 张丁, 王秋菊, 等. 土层置换对马铃薯根际土壤酶活性及晚疫病病情指数的影响[J]. 干旱地区农业研究, 2016, 34(6): 170-176.
- [40] 李岩, 刘长仲. 5种药剂拌种对马铃薯晚疫病的田间防治效果[J]. 中国瓜菜, 2021, 34(8): 84-87.
- [41] 田琴, 杨志辉, 朱杰华. 6种杀菌剂对马铃薯晚疫病菌的室内毒力测定[J]. 中国马铃薯, 2012, 26(2): 105-107.
- [42] 高雪冬. 五种高效药剂对马铃薯晚疫病防治效果的研究[J]. 黑龙江农业科学, 2019(2): 44-47.
- [43] 惠娜娜, 李继平, 王立, 等. 7种杀菌剂对马铃薯晚疫病的田间防效[J]. 中国植保导刊, 2021, 41(10): 68-69, 67.
- [44] 庞杰, 叶毅, 玉家汉, 等. 不同药剂对马铃薯晚疫病的田间防治效果[J]. 广西农学报, 2021, 36(6): 22-24.
- [45] 赵艳群, 武奇伟, 任飞娥, 等. 马铃薯品种对早疫病、晚疫病和疮痂病的田间抗性评价[J]. 中国马铃薯, 2021, 35(2): 164-169.
- [46] 李华青, 王芳, 王舰. 马铃薯种质资源室内接种晚疫病的抗性鉴定[J]. 分子植物育种, 2020, 18(8): 2728-2735.
- [47] 何烈干, 汤洁, 熊正葵, 等. 马铃薯种质资源对晚疫病的室内及田间抗性鉴定[J]. 南方农业学报, 2018, 49(5): 898-904.
- [48] 王余明. 转 *AtCIPK23* 基因马铃薯钾营养特性及晚疫病抗性研究[D]. 雅安: 四川农业大学, 2011.
- [49] 朱素贤. 马铃薯晚疫病抗病基因的遗传转化及其鉴别寄主的建立[D]. 青岛: 青岛农业大学, 2009.
- [50] GHISLAIN M, BYARUGABA A A, MAGEMBE E, et al. Stacking three late blight resistance genes from wild species directly into African highland potato varieties confers complete field resistance to local blight races[J]. Plant Biotechnol, 2019, 17(6): 1119-1129.
- [51] FACHOURI W, WALKER F, WOGLER B, et al. Isolation and Identification of N-mercapto-4-formylcarbostyl, an antibiotic produced by *pseudomonas florenscens* [J]. Phytochemischy, 2001, 58(8): 1297-1303.
- [52] ELSHERBINY E A, AMIN B H, ALEEM B, et al. Trichoderma volatile organic compounds as a biofumigation tool against late blight pathogen *Phytophthora infestans* in postharvest potato tubers[J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2020, 68(31): 8163-8171.
- [53] 韩龙. 马铃薯晚疫病生防菌剂的研究[D]. 贵阳: 贵州大学, 2018.
- [54] 吴艳清, 王游游, 王畅, 等. 枯草芽孢杆菌 WL2 脂肽粗提物对致病疫霉的抑制作用及其分离鉴定[J]. 河北大学学报(自然科学版), 2018, 38(6): 632-639.
- [55] 万安琪, 蒋继志, 沙海天, 等. 拮抗细菌 W-7 的鉴定及其对致病疫霉的抑制作用[J]. 河南农业科学, 2017, 46(2): 55-59, 82.
- [56] 崔月贞, 杨小利, 杨成德, 等. 拮抗马铃薯晚疫病菌的高寒草地牧草内生细菌的鉴定及其生物功能测定[J]. 植物保护学报, 2016, 43(5): 789-795.
- [57] 谢开云, 车兴壁, CHRISTIAN D. 比利时马铃薯晚疫病预警系统及其在我国的应用[J]. 中国马铃薯, 2001(2): 67-71.
- [58] 黄冲, 刘万才, 张剑, 等. 推进农作物病虫害精准测报的探索与实践[J]. 中国植保导刊, 2020, 40(7): 47-50.
- [59] 闵凡祥, 郭梅, 高云飞, 等. NegFry 马铃薯晚疫病预测预报模型的评价[J]. 中国马铃薯, 2013(2): 87-92.

## Research Progress on Genetic Diversity of *Phytophthora infestans* in Potato Late Blight and Its Control

XIA Shan-yong, NIU Zhi-min, Li Qing-quan, ZHANG Li-juan, NAN Xiang-ri, SHENG Wan-min

(Institute of Economic Crops, Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences/Key Laboratory of Biology and Quality Improvement for Potato in Heilongjiang, Harbin 150086, China)

**Abstract:** Potato late blight caused by *Phytophthora infestans* (Montagne) de Bary is one of the most devastating diseases in potato production, which has the characteristics of wide occurrence, fast epidemic speed, heavy damage and difficult control. In order to further understand the occurrence and development of potato late blight, and better control potato late blight. In this paper, the symptoms, pathogenic factors and genetic diversity of potato late blight were summarized, the advantages and disadvantages of various prevention and control measures were comprehensively analyzed. The future research focus of late blight was prospected and the following suggestions were put forward: (1) Strictly implement the seed potato quarantine and testing system, and promote the use of sterile seed potatoes; (2) Continuously monitor the change of pathogenic type of *Phytophthora infestans* in the main potato production areas, and use fungicides in combination with the late blight monitoring and early warning system; (3) Expand the application scope of biocontrol microorganisms, improve the screening method of effective strains, discover new late blight resistant genes with broad-spectrum and durable resistance, and constantly implement the development direction of improving potato disease resistance breeding.

**Keywords:** potato late blight; genetic diversity; control efficacy; research progress