

中国植物病理学会第十四届青年学术研讨会论文选编

植物病理学研究进展

Zhiwu Binglixue Yanjiu Jinzhan

■ 王海光 王 勇 主编

非外借



中国农业大学出版社
CHINA AGRICULTURAL UNIVERSITY PRESS

中国植物病理学会第十四届青年学术研讨会论文选编

中国植物病理学会第十四届青年学术研讨会论文选编

植物病理学研究进展

王海光 王 勇 主编

中国农业大学出版社
· 北京 ·

内 容 简 介

本书是中国植物病理学会第十四届青年学术研讨会论文选编,共收录了 105 篇中英文研究论文、简报和摘要。涉及植物病原菌物、病毒、原核生物、线虫等病原及其所致病害,包括病原鉴定和检测、病原—寄主植物互作、抗病性及抗病育种、病害管理和防控、分子生物学技术和信息技术在植物病理学研究和病害管理中的应用等多个方面,基本上反映了近两年来我国植物病理学青年工作者在植物病理学基础理论、应用基础和植物病害绿色防控实践等方面所取得的最新研究进展。

本书可供植物病理学、农学、生物学等相关专业师生、科研人员和有关管理人员参考。

中国农业出版社

王海光 王 勇 主编

图书在版编目(CIP)数据

植物病理学研究进展 / 王海光,王勇主编. —北京:中国农业大学出版社,2019.5

ISBN 978-7-5655-2201-7

I. ①植… II. ①王… ②王… III. ①植物病理学-文集 IV. ①S432.1-53

中国版本图书馆 CIP 数据核字(2019)第 071612 号

书 名 植物病理学研究进展

作 者 王海光 王 勇 主编

策划编辑 赵 中

封面设计 郑 川

出版发行 中国农业大学出版社

社 址 北京市海淀区学清路甲 38 号

电 话 发行部 010-62818525,8625

编辑部 010-62732617,2618

网 址 <http://www.caupress.cn>

经 销 新华书店

印 刷 涿州市星河印刷有限公司

版 次 2019 年 5 月第 1 版 2019 年 5 月第 1 次印刷

规 格 787×1 092 16 开本 8.5 印张 210 千字

定 价 68.00 元

责任编辑 赵 中

邮政编码 100083

读者服务部 010-62732336

出 版 部 010-62733440

E-mail cbsszs@cau.edu.cn

图书如有质量问题本社发行部负责调换

中国植物病理学会第十四届青年学术研讨会 组织委员会

主 任：王海光

副主任：杨 俊 王 勇 陈 卓 吴石平 王 颖

委 员：(按姓氏笔画为序)

丁海霞	王 廿	王 勇	王 颖	王永林	王海光
王晓杰	左示敏	乔永利	刘大伟	刘文德	刘金亮
刘慧泉	吴石平	李 忠	李云洲	李向阳	李昊熙
杨 俊	杨再福	邹菊华	陈 卓	陈井生	陈旭君
陈孝玉龙	周 涛	赵志博	原雪峰	徐成楠	郭 维
崔福浩	曹志艳	梁文星	梁春浩	董莎萌	谢 鑫
谢甲涛	樊 荣	燕继晔	薛应钰		

《中国图书分类法》编委会

编委名单

主 编：王海光 王 勇

副主编：杨 俊 谢甲涛 左示敏 陈 卓 王 颖

编 委：（按姓氏笔画为序）

丁海霞 王 勇 王 颖 王海光 王晓杰 左示敏

刘文德 吴石平 杨 俊 陈 卓 陈井生 陈孝玉龙

赵志博 曹志艳 梁春浩 董莎萌 谢 鑫 谢甲涛

燕继晔

前 言

中国植物病理学会第十四届青年学术研讨会由中国植物病理学会青年委员会主办,由贵州大学农学院、贵州大学精细化工研究开发中心、贵州省农业科学院植物保护研究所共同承办,以“青年植病,协同创新,共创未来”为会议主题,于2019年5月16—19日在贵阳召开。

在会议召开之前,面向全国植物病理学青年工作者进行了植物病理学研究与应用方面的研究论文、综述、简报和摘要征集工作。我们从征集来的所有稿件中选择105篇研究论文、简报和摘要汇编成本次会议的论文集——中国植物病理学会第十四届青年学术研讨会论文选编《植物病理学研究进展》,由中国农业大学出版社正式出版。内容涉及植物病原菌物、病毒、原核生物、线虫等病原及其所致病害,包括病原鉴定和检测、病原—寄主植物互作、抗病性及抗病育种、病害管理和防控、分子生物学技术应用、信息技术应用等方面,基本上反映了近两年来我国植物病理学青年工作者在植物病理学基础理论、应用基础和植物病害防治实践等方面所取得的最新研究进展。

会议的召开和论文集的出版得到了中国科学技术协会和中国植物病理学会的资助,挂靠单位中国农业大学给予了关心和指导,我国植物病理学界多位专家、教授给予了关心、指导和帮助,会议承办单位、组织委员会和编辑委员会的同志们付出了辛苦劳动,中国农业大学出版社给予了大力支持和帮助。在此,我们一并表示衷心的感谢!

由于会议论文征集和编辑时间紧,本着尊重作者意愿和文责自负的原则,在编辑过程中,仅对稿件在编辑体例上进行了处理,对稿件内容一般未作改动。因此,错误和不足之处敬请作者和读者批评指正!

编 者

2019年5月

目 录

河西走廊玉米普通锈病病原生物学特性测定	1
Multi “Omics” of the <i>Fusarium</i> species complex highlights differences in response to temperature	6
A novel zinc finger protein is essential for polarized growth and pathogenicity in <i>Fusarium graminearum</i>	8
Stop-loss editing of mitotic exit kinase FgDbf2 is important for ascosporeogenesis in <i>Fusarium graminearum</i>	9
First report of leaf spot caused by <i>Colletotrichum gloeosporioides</i> on <i>Sophora</i> <i>tonkinensis</i> Gagnep. in China	11
Whole genome sequencing reveals genetic basis for biocontrol activity of endophytic fungi <i>Sarocladium brachiariae</i> HND5	13
A loop-mediated isothermal amplification (LAMP) assay for the rapid detection of toxigenic <i>Fusarium temperatum</i> in maize stalks and kernels	15
Gene knockout method of filamentous fungi based on two-step PCR amplification	16
Identification and characterization of plant cell death-inducing effector proteins from <i>Rhizoctonia solani</i>	17
The major <i>Fusarium</i> species in kernels and ears stems of maize stalk rot from 11 provinces in China	18
A <i>Xepicula</i> species associated with leaf spot of <i>Lasia spinosa</i> (Araceae) in South China Karst	20
First report of <i>Colletotrichum camelliae</i> causing tea brown blight in Guizhou Province	21
Biological characteristics of the pathogen <i>Colletotrichum camelliae</i> causing tea brown blight disease	23
Biological characteristics of the pathogen <i>Lasioidiplodia theobromae</i> causing a tea disease	24
First report of <i>Fusarium solani</i> and <i>Fusarium proliferatum</i> causing root rot of <i>Clivia miniata</i> in China	25
Diseases of <i>Cymbopogon citratus</i> (Poaceae) in China: <i>Curvularia nanningensis</i> sp. nov.	27

Analysis of host specificity and pathogenicity of Cas5 isoform cassiicolin in
Corynespora cassiicola from *Hevea brasiliensis* 28

水稻纹枯病菌糖苷水解酶基因 *Eg146* 的克隆与表达 29

华东地区草莓炭疽病的病原鉴定及遗传多样性分析 30

转录因子 *FoAce2* 调控尖孢镰刀菌古巴专化型的生理特性和致病性 31

甘蔗梢腐病病原与 PCD 有关的效应因子的分析与鉴定 32

系统性研究假基因及其 A-to-I mRNA 编辑在禾谷镰刀菌有性发育中的功能 33

禾谷镰刀菌 A-to-I mRNA 编辑的位点识别机制 34

FgPAL1 调控禾谷镰刀菌有性和无性孢子形成的分子机制 35

禾谷镰刀菌中特异扩张的 G 蛋白偶联受体亚家族对侵染过程中宿主信号的识别 36

葡萄座腔菌 (*Botryosphaeria dothidea*) 角质酶基因的研究 37

珍稀沙生植物茧蕨黄耆的新病害 38

轮枝镰刀菌分生孢子萌发过程的转录因子表达分析 39

大丽轮枝菌微菌核发育相关基因 *VdVTA1* 的功能分析 40

基于离体实验体系研究小麦白粉病菌子囊孢子萌发和附着胞分化过程 41

图像识别技术在植物病害和病原的定性识别和定量评估中的应用 42

广东菜心叶斑病病原初步鉴定 43

稻瘟菌中非典型的 Myb 类蛋白 *Cdc5* 具有参与核酸结合的两个互作界面 44

橡胶树褐根病病原 LAMP 快速检测方法的建立 45

月季黑斑病病原鉴定及室内药剂筛选 46

云南蓝莓根腐病病原鉴定初报 47

辽宁花生网斑病病原鉴定及生物学特性研究 48

可可毛色二孢菌效应蛋白 *LtScp1* 调节寄主免疫反应的机理解析 49

杨树炭疽病菌 *CgHog1* 调控渗透压和农药胁迫应答的分子机制 50

剪切因子 *MoCwf15* 调控稻瘟菌的致病力和生长发育 51

可可毛色二孢菌效应因子 *LtEPG2* 的克隆及生物学功能分析 52

我国热带作物多主棒孢遗传种群结构分析 53

基于 *Cassiicolin* 毒素蛋白的多主棒孢基因条形码数据库的构建 54

全基因组水平鉴定具有保守蛋白基序的小麦叶锈菌候选效应因子 55

温州蜜柑疑似柑橘褐斑病的危害特点及病原鉴定 56

近红外光谱技术在植物病害和病原监测研究中的应用 57

两个致病疫霉超级生理小种的致病机制分析和防控策略 58

恶疫霉 *PcF/SCR* 型质外体小蛋白 *SCR96* 在哺乳动物细胞中的分泌性表达及其活性
分析 59

有性生殖发生对致病疫霉无毒基因 *Avr-vnt1* 和 *Avr-Smira1* 变异的研究 60

Identification of compounds as T3SS inhibitors to suppress the virulence of
plant pathogenic bacteria *Xanthomonas* 61

冬枣树细菌性坏死病病原鉴定 63

基于群体分型和比较基因组鉴定猕猴桃溃疡病菌致病因子 64

贵州猕猴桃花腐病的发生与病原鉴定	66
<i>Pseudomonas protegens</i> FD6 中 <i>rpoS</i> 基因功能初步研究	67
Recombinase polymerase amplification assay for rapid detection of <i>Maize</i> <i>chlorotic mottle virus</i> in maize	68
Western blot method to detect southern rice black-streaked dwarf virus	69
The novel antifungal mechanism of Jia Huang Xian Jun Zuo against <i>Lasiodiplodia</i> <i>theobromae</i> causing tea foliar disease by inhibiting ergosterol biosynthesis	70
Phenazine-1-carboxylic acid can down-regulate the genes related with N-Glycan biosynthesis pathway to inhibit the proliferation of <i>Pseudopestalotiopsis camelliae</i> - <i>sinensis</i> causing tea grey blight	72
<i>Southern tomato virus</i> , an emerging seed-borne latent virus that may co-infect with other viruses to induce severe damage	74
A comprehensive profile of microRNAs associated with host response to rice sheath blight infection	75
三种小麦致病镰孢菌中真菌病毒的多样性研究	77
大豆花叶病毒 N1 和 N3 株系致病性差异的分子机制	78
黄瓜花叶病毒 2 种卫星 RNA 的调控差异分析	79
烟草丛顶病毒不依赖帽子翻译中的非翻译区远距离互作的分子开关	80
小麦黄花叶病毒 RNA1 蛋白翻译调控机制	81
番茄斑萎病毒(TSWV)亚基因组翻译调控研究	82
深度测序技术鉴定百合病毒病病原	83
草莓多目标基因芯片快速检测技术的建立	84
侵染广东省瓜类蔬菜病毒种类的初步鉴定	85
甘薯潜隐病毒莲藕分离物外壳蛋白基因的原核表达及抗血清制备	86
亚细胞定位维持 SCSMV P1 蛋白抑制 RNA 沉默活性和致病性的分子机制	87
入侵我国木尔坦棉花曲叶病毒的研究进展	88
胞囊线虫胁迫下大豆根组织内参基因的筛选与验证	89
象耳豆根结线虫在国内危害桑树的首次鉴定报道	90
<i>Sorghum bicolor</i> 14-3-3 protein expression, purification and crystal growth conditions screening	92
Identification of new rice germplasms and resistance loci against rice black- streaked dwarf virus disease through genome-wide association study	93
VIGS 沉默番茄 <i>SIDCL2</i> 和 <i>SIDCL4</i> 破坏植株对 TYLCV 的抗性	94
水稻 JAZs 家族基因功能分析	96
铜离子调控拟南芥芥子酸苷合成分子机理研究	97
RNA 干扰 V1 和 C1 提高番茄植株对 TYLCV 的抗性	98
大麦特异 TGA 转录因子 HvZIP254 与 NPR1 蛋白互作介导植物抗病反应	100
利用麦类作物系统获得抗性 SAR 关键转录调控因子 <i>HvWRKY165</i> 与 <i>HvWRKY213</i> 基因提高小麦抗病水平	101

基于 SCoT 分子标记技术建立甘蔗抗黑穗病 SCAR 标记	102
先天免疫增强的拟南芥突变体 Aggie4 中目的基因的克隆与功能解析	103
全基因组水平解析小麦抗叶锈病 <i>Lr47</i> 基因的转录调控网络	104
G 蛋白参与植物先天免疫调控的机制研究	105
茉莉酸甲酯调控防御酶诱导柑橘果实抗炭疽病研究	106
SWEET 糖转运蛋白对南方根结线虫寄生植物的影响研究	107
抗感大豆品种根系谷胱甘肽代谢对胞囊线虫的发育影响	108
Effects of volatile organic compounds from <i>Bacillus amyloliquefaciens</i> Czk1 on growth of <i>Colletotrichum gloeosporioides</i> on rubber tree	109
Effect of exogenous methyl jasmonate treatment on disease resistance of postharvest kiwifruit soft rot	110
具有广谱多功效的酚类植保素——东茛菪素	111
假禾谷镰刀菌对戊唑醇的敏感性	114
微生物菌剂协同拌种对小麦土传病害的防效	115
复配药剂防治剑麻紫色卷叶病及新菠萝灰粉蚧的筛选试验	116
不同药剂种子包衣对玉米茎基腐病的防治效果及产量影响	117
火龙果褐腐病防控药剂持效期的离体研究	118
两株辣椒炭疽病生防芽孢杆菌筛选及防效试验	119
两株生防菌对蓝莓根腐病菌的抑制作用	120
深翻对麦田不同深层土壤微生物功能及真菌多样性的影响	121
生防内生真菌 HND5 菌株抗菌相关非核糖体多肽合成酶基因簇鉴定	122
根瘤内生细菌在番茄根部的定殖初探	123
诱导玉米抗大斑病的生防细菌研究	124
泰兴市小麦赤霉病菌抗药性监测	125
花生褐斑病菌侵染对不同抗性花生活性氧代谢及防御酶的影响	126

河西走廊玉米普通锈病病原生物学特性测定

雷玉明^{1,2}, 郑天翔^{1*}, 邢会琴¹

(¹ 河西学院农业与生物技术学院, 张掖 734000;

² 甘肃河西走廊特色资源利用重点实验室, 张掖 734000)

摘要:通过玉米普通锈菌的生物学特性测定,明确了河西走廊制种田玉米锈菌夏孢子萌发的温度范围是 5~35℃,适宜温度范围是 20~30℃,最适温度是 25~28℃;最适相对湿度为 100%;萌发 pH 范围为 4~11,最适萌发 pH 为 7~8;光照对孢子萌发影响没有差异性;病菌能利用多种碳源,最适碳源为葡萄糖、果糖。最适氮源为硫酸铵、氯化铵、硝酸钾,甘氨酸、酪氨酸等氮源对夏孢子萌发有抑制作用。本研究为玉米普通锈病的防治提供了一定理论依据。

关键词:玉米普通锈病;病原;生物学特性;河西走廊

玉米普通锈病是由玉米柄锈菌 *Puccinia sorghi* Schw 引起的,分布于全世界各玉米主产区^[1],国外 1896 年首次报道,中国则是 1937—1939 年戴芳澜、王云章等在陕西、贵州、西康等地首次报道了该病^[2]。到 20 世纪 90 年代,吉林省报道发生面积达 13.4 万 hm²,湖北省郧县发生面积为 2 000 hm²,山东省泰安市大流行,病叶率一般达 90% 以上,大部分品种病叶率达 100%,一般田块造成减产 10%~20%,有的自交系近乎绝产,严重影响玉米后期子粒灌浆而减产^[3]。但是近些年来,由于耕作制度的改革、品种更换、气候因素变化等原因,加上甘肃河西走廊成为全国最大玉米制种基地,大量玉米亲本组合北种南繁,普通锈病和南方锈病混合发生,河西走廊玉米锈病的发生变得较为复杂,且危害越来越重,成为制种玉米田主要病害。据报道,甘肃省 2009—2012 年玉米普通锈病普遍严重发生,病株率达 81.6%^[4]。2009 年以来,张掖市甘州区玉米制种田普通锈病平均病株率达 97.4%,成为目前制种玉米重要病害^[5]。因此,需要尽快明确河西走廊普通玉米锈病发生规律和病原菌的生物学特性,旨在为制种田玉米锈病科学防治提供参考依据。

1 材料与方法

1.1 供试菌株

玉米柄锈菌 *Puccinia sorghi*,从甘肃张掖市甘州区玉米制种田抽穗期采集新叶片,选择典型病斑用毛笔刷下孢子,经显微鉴定获得菌种,并将夏孢子配成 $1 \times 10^{6 \sim 7}$ 的孢子悬浮液备用。

基金项目:甘肃省农业科技创新项目(GNCX-2013-10)。

* 通讯作者:郑天翔(1983—),男,讲师,主要从事植物病害防治研究。

第一作者:雷玉明(1964—),男,教授,主要从事植物病害诊断与防治研究;E-mail:zyymlei@163.com。

1.2 夏孢子生物学特性试验

1.2.1 温度对孢子萌发的影响

吸取悬浮液 1 mL 采用凹玻片萌发法^[6], 设 5℃、10℃、15℃、20℃、25℃、28℃、30℃、35℃、40℃ 共计 9 个温度处理, 每个处理重复 3 次, 放入不同温度的恒温培养箱中培养, 逐日观察并记录, 采用纽鲍尔 (Neubauer) 血球计数板测定夏孢子萌发率, 采用 DPS12.5 数据处理系统 Duncan's 新复极差测验法进行差异显著性分析。

1.2.2 湿度对孢子萌发的影响

分别将新鲜玉米叶片夏孢子用毛笔刷在载玻片上, 放入密闭的不同湿度的干燥器中, 设相对湿度稳定在 70%、80%、90%、95%、98%、100% 共计 6 个处理, 每个处理重复 3 次, 放入 25℃ 恒温箱中培养, 24 h 后测定孢子萌发率, 统计分析与 1.2.1 中方法相同(下同)。

1.2.3 pH 对孢子萌发的影响

pH 为 3.0、4.0、5.0、6.0、7.0、8.0、9.0、10.0、11.0 共计 9 个梯度(用 0.1% HCl 和 NaOH 调节)。

1.2.4 光照对孢子萌发的影响

设 24 h/d 全光照、12 h/d 光照 + 12 h/d 黑暗的半光半暗、24 h/d 全黑暗 3 种处理。

1.2.5 碳源对孢子萌发的影响

以 1% 碳源制作菌悬液, 分别设葡萄糖、果糖、木糖、乳糖、麦芽糖、淀粉共 7 种碳源处理, 以不加 C 源为清水对照(CK)。

1.2.6 氮源对孢子萌发的影响

以 1% 氮源制作菌悬液, 分别设硝酸钾、酵母膏、牛肉膏、蛋白胨、甘氨酸、硫酸铵、氯化铵共 7 种氮源处理, 以不加 N 源为清水对照(CK)。

2 结果与分析

2.1 温度对夏孢子萌发的影响

温度对夏孢子萌发影响的测定结果表明(表 1), 夏孢子在 5~35℃ 范围内均能萌发, 差异性显著。适于萌发的温度是 20~30℃, 最适萌发温度为 25~28℃, 低于 5℃ 或高于 35℃ 萌发率迅速降低, 不利于孢子萌发。表明该菌夏孢子萌发最适温度为 25~28℃。

表 1 温度对夏孢子萌发的影响 %

温度/℃	1 d	2 d	3 d	4 d	5 d	6 d	显著性
5	3.2	4.1	5.7	7.4	8.3	8.5	e
10	4.3	5.4	8.3	10.4	10.9	11.6	d
15	6.7	9.3	10.6	12.1	13.2	14.9	c
20	10.9	14.2	17.5	19.3	20.5	21.6	b
25	19.6	20.4	22.7	24.9	26.7	27.9	a
30	15.9	16.3	17.4	17.6	17.8	17.4	b
35	4.2	5.3	6.1	6.7	7.1	7.3	e
40	1.6	1.7	1.7	1.5	1.6	1.6	f

2.2 湿度对夏孢子萌发的影响

湿度对孢子萌发影响的测定结果表明(图 1),在相对湿度 80% 以上,随湿度增加,夏孢子萌发率逐渐上升,差异性显著。相对湿度为 100% 时萌发率最高,低于 80% 夏孢子不能萌发。表明高湿是夏孢子萌发必要条件。

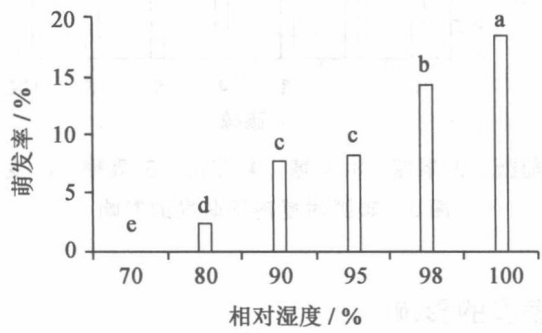


图 1 相对湿度对夏孢子萌发的影响

2.3 光照对夏孢子萌发的影响

试验结果表明,全光、全暗、半光半暗 3 种光照处理在 24 h 后夏孢子萌发率差异不显著,萌发率分别为 18.1%、17.6%、17.5%。表明光照对夏孢子萌发没有影响。

2.4 pH 对夏孢子萌发的影响

pH 对夏孢子萌发影响的测定结果表明(图 2),pH 为 3 时夏孢子不能萌发,在 pH 4~11 范围内均可萌发。pH 为 4 时开始萌发,pH 为 7~8 时萌发率最高,达 28.1%~29.4%。pH 为 10 时萌发率显著降低,pH 为 11 时萌发率仅有 1.4%,不利于夏孢子萌发。说明偏酸或偏碱条件均不利于夏孢子萌发,表明夏孢子萌发的最适 pH 为 7~8。

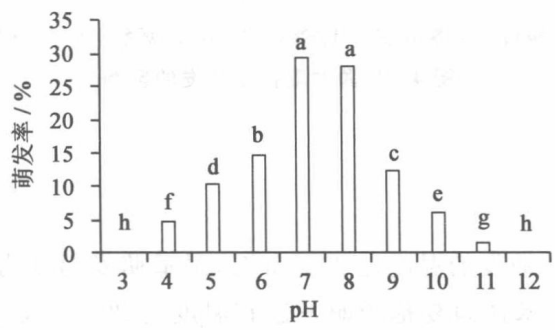
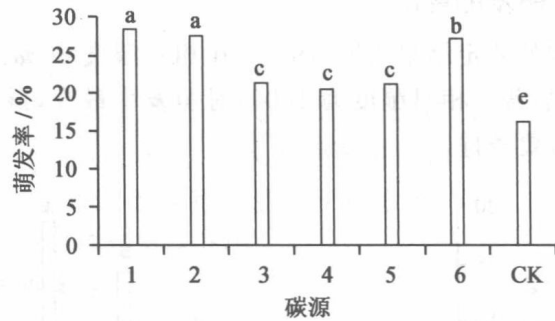


图 2 pH 对夏孢子萌发的影响

2.5 碳源对夏孢子萌发的影响

测定结果显示(图 3),夏孢子在供试碳源葡萄糖、果糖、木糖、乳糖、麦芽糖、淀粉等溶液中萌发率均比清水对照高,其中葡萄糖、果糖最适于夏孢子萌发,其次是麦芽糖,差异性显著。在木糖、乳糖、淀粉溶液中萌发率持平,之间无显著差异。结果表明碳源有利于夏孢子萌发。

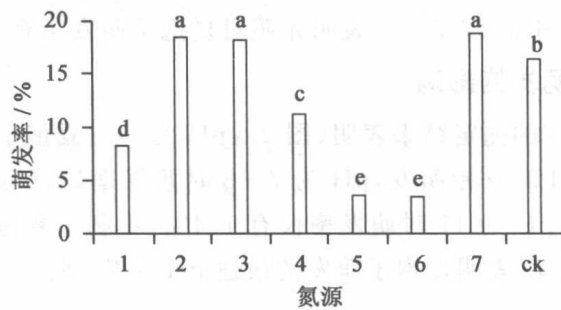


1. 葡萄糖 2. 果糖 3. 木糖 4. 淀粉 5. 乳糖 6. 麦芽糖

图3 碳源对夏孢子萌发的影响

2.6 氮源对夏孢子萌发的影响

测定结果显示(图4),夏孢子在氮源溶液中萌发存在明显差异。在硫酸铵、氯化铵、硝酸钾等溶液中萌发率显著高于对照,达18.2%~18.9%,说明这一类型的氮源有利于夏孢子萌发。以磷酸铵、尿素、甘氨酸、酪氨酸等为氮源时,孢子萌发率低于清水对照,说明这一类型氮源不利于夏孢子萌发。



1. 尿素 2. 硫酸铵 3. 氯化铵 4. 磷酸铵 5. 甘氨酸 6. 酪氨酸 7. 硝酸钾

图4 氮源对夏孢子萌发的影响

3 结论与讨论

本试验研究表明,适于萌发的温度是20~30℃,最适萌发温度为25~28℃。这一结论与傅俊范等^[7]报道辽宁省玉米锈菌夏孢子萌发适宜温度是20~25℃存在一定差异,与赵志祥等^[8]报道南繁区南方玉米锈菌夏孢子萌发适宜温度是20~28℃也存在差异。南方玉米锈菌夏孢子萌发的温度范围较普通锈菌范围大,充分说明南方玉米锈菌与玉米普通锈菌在生物学特性方面存在差异。结合田间发生情况,河西走廊普通锈病往往发生在抽穗前后,大量发生在8月中下旬,该期间气温在30℃左右,表明河西走廊玉米普通锈菌耐高温能力较强,由于地域差异,造成与辽宁省普通锈菌之间存在差异,这一点是否与病菌存在生理分化有关,还有待于进一步对河西走廊玉米普通锈菌生理分化现象进行研究。

本试验研究结果显示,相对湿度在80%以下玉米普通锈菌夏孢子不能萌发,而傅俊范等^[7]报道相对湿度在90%以下不能萌发,在萌发的湿度范围上也存在差异。分析认为这可能

是由于河西走廊在玉米生长前期大气干燥,田间小气候相对湿度较低,玉米普通锈菌已具有抗干旱的能力,在相对湿度略低的情况下也能萌发,是否与干旱胁迫下玉米普通锈菌抗性蛋白表达相关,需要对河西走廊玉米锈菌抗性基因定位和遗传开展研究。

从碳、氮营养对夏孢子萌发影响看,玉米普通锈菌能较好地利用多种碳源,这一观点与前人研究结论相吻合^[8]。同样这一观点在田间调查也被证实,一般甜玉米发病早且重,其次为甜糯玉米,说明玉米植株含糖量高低与玉米普通锈病具有正相关性。此病菌对无机氮源的利用较好,有机氮源条件下对夏孢子萌发有一定抑制作用。因此,在生产中可以适量减少硫酸铵、氯化铵、磷酸铵、硝酸钾肥的用量,适当增加有机氮肥利用,充分促进玉米植株吸收,降低或抑制夏孢子萌发,有利于对玉米普通锈病的控制。有必要在有机氮肥开发、使用方法等方面进行研究。

参考文献

- [1] 田耀加,赵守光,张晶,等. 中国玉米锈病研究进展. 中国农学通报,2014,30(4):226-231.
- [2] 罗守进. 玉米锈病的研究. 农业灾害研究,2011,1(2):15-20.
- [3] 刘章雄,王守才. 玉米锈病研究进展. 玉米科学,2003,11(4):76-79.
- [4] 李青青,郭满库,郭成,等. 甘肃玉米主要病害发生动态调查. 植物保护,2014,40(3):161-164.
- [5] 杨克泽,马金慧,何树文,等. 甘肃省制种玉米病害绿色防控技术示范. 植保科技创新与农业精准扶贫,2016:133-141.
- [6] 方中达. 植病研究法. 3版. 北京:中国农业出版社,1998:151-153.
- [7] 傅俊范,康晓军,周如军,等. 辽宁省玉米锈病病原菌鉴定及其生物学研究. 玉米科学,2011,19(2):135-139.
- [8] 赵志祥,肖敏,陈圆,等. 南繁区玉米锈病种类鉴定及病原生物学特性. 分子植物育种,2018,16(1):289-296.

Multi “Omics” of the *Fusarium* species complex highlights differences in response to temperature

Yixue Bao^{1,2}, Ziting Yao^{1,2}, Changmian Ji³, Muqing Zhang^{1,2*}

(¹State Lab of Conservation and Utilization of Sub-tropical Agric-Biological Resources, Nanning 530004, China; ²Guangxi Key Lab of Sugarcane Biology, Guangxi University, Nanning 530004, China; ³Biomarker Technologies Co. Ltd, Beijing 101300, China)

Abstract: *Fusarium* species complex are among the most important phytopathogenic and toxigenic fungi. Only six whole genomes of *Fusarium* species complex have been sequenced and annotated worldwide. To understand the molecular pathogenicity in the genus *Fusarium* caused sugarcane pokkah boeng, two whole *Fusarium* genomes of *F. verticillioides* CNO1 and *F. proliferatum* YN41 were sequenced and annotated by PacBio coupled with Illumina HiSeq. FV CNO1 is a dominant pathogen in summer or in the warmer area, while FP YN41 occurs in winter or in the cooler area. The assembly processes resulted in 13 scaffolds for *F. verticillioides* (44.59M, N50 of 4.3M) and 13 scaffolds for *F. proliferatum* (44.05M, N50 of 4.4M). A total of 14 670 (*F. verticillioides*) and 14 796 (*F. proliferatum*) genes were annotated by a combination of prediction tools and manual validation, respectively. Multi-omics approaches including genome, ChIP-seq, transcriptome, proteome and HPLC-FTMS-based metabolome, were used to identify the potential secondary metabolite biosynthetic gene clusters and to examine their regulation in response to low temperature. The results indicated that expression of most but not all gene clusters were correlated with proteome and ChIP-seq data. Comparative genomics showed that only a small number of gene clusters in *F. verticillioides* CNO1 and *F. proliferatum* YN41 were conserved among these species, thus providing new insights into the divergence of secondary metabolism in the genus *Fusarium*. Multi-omics results showed that *F. proliferatum* kept active energy metabolism for growing at low temperatures, including the carbohydrate, lipid and amino-acid metabolism. *F. proliferatum* also up-regulated the

This work was supported by the Foundation for Innovative Research Team of State Key Laboratory for Conservation and Utilization of Subtropical Agro-bioresources.

* Corresponding author; Muqing Zhang, professor; E-mail: mqzhang@ufl.edu.

virulence related DEGs and DEPs such as ALDH, ALDH2, malZ and P5CDH at low temperature. It is important to reveal why sugarcane pokkah boeng disease are occurring in winter now.

Keywords: *Fusarium* species; response to temperature; multi-omics; pokkah boeng disease