

doi:10.16779/j.cnki.1003-5508.2019.01.017

“海沃德”猕猴桃细菌性溃疡病田间分布型研究

王茹琳^{1,2,3}, 刘原⁴, 罗家栋⁵, 文刚⁵, 王明田^{1*}, 李庆³

(1. 中国气象局成都高原气象研究所/高原与盆地暴雨旱涝灾害四川省重点实验室, 四川 成都 610072;

2. 四川省农村经济综合信息中心, 四川 成都 610072; 3. 四川农业大学农学院, 四川 成都 611130;

4. 四川苍溪猕猴桃研究所, 四川 苍溪 628400; 5. 宜宾市农业局, 四川 宜宾 644000)

摘要:本研究利用经典的聚集度指标法和回归分析法对该病害的空间分布型进行测定, 探明猕猴桃溃疡病的田间分布情况。结果表明, 猕猴桃溃疡病病株在大田呈聚集分布, 分布的基本形式为个体群。分别计算了猕猴桃溃疡病大田抽样的最适理论抽样数和序贯抽样数, 确定了该病害抽样的最佳样方大小, 通过上述研究有效提高调查抽样的效率, 为提高该病害田间调查的准确性和制定有效的防治措施提供依据。

关键词:猕猴桃溃疡病; 空间分布型; 抽样技术

中图分类号: S763.1 文献标识码: A 文章编号: 1003-5508(2019)01-0077-04

A Study of Spatial Distribution Patterns for the Kiwifruit Canker Disease in "Hayward" Kiwifruit Fields

WANG Ru-lin^{1,2,3} LIU Yuan⁴ LUO Jia-dong⁵ WEN Gang⁵

WANG Ming-tian^{1*} Li Qing³

(1. Chengdu Institute of Plateau Meteorological, China Meteorology Administration/Heavy Rain and Drought - Flood

Disasters in Plateau and Basin Key Laboratory of Sichuan Province, Chengdu 610072, China;

2. Sichuan Provincial Rural Economic Information Center, Chengdu 610072, China;

3. College of Agronomy, Sichuan Agricultural University, Chengdu 611130, China;

4. Kiwifruit Institute of Cangxi County, Cangxi 628400, China;

5. Bureau of Agriculture of Yibin City, Yibin 644000, China)

Abstract: In order to find out the distribution of kiwifruit canker disease in the field, the spatial distribution pattern of the disease was determined by classical aggregation index method and regression analysis method in this study. The results showed that canker-diseased kiwifruit plants showed aggregation distribution in the field, and the basic form of distribution was individual population. The optimum theoretical and sequential sampling numbers were calculated respectively for field sampling of Kiwifruit canker disease, and the optimum sampling square size was determined. The efficiency of investigation sampling was effectively improved through the above research courses, thus providing reference for the prevention of this disease.

Key words: Kiwifruit canker, Spatial distribution pattern, Sampling technique

“海沃德”猕猴桃是世界上种植最广泛的猕猴桃品种, 属猕猴桃科 (*Actinidiaceae*), 猕猴桃属 (*Actin-*

收稿日期: 2018-09-12

基金项目: 高原与盆地暴雨旱涝灾害四川省重点实验室科技发展基金项目 (省重点实验室 2018-重点-05-11 和省重点实验室 2018-青年-31); 国家现代农业产业体系四川水果创新团队猕猴桃病虫害综合防治岗位 (2013-2018)

作者简介: 王茹琳 (1986-), 男, 工程师, 博士, 主要从事气候变化与病虫害关系研究, e-mail: wrl_1986_1@163.com。

* 通讯作者: 王明田, e-mail: wangmt0514@163.com。

idia Linoll.),具有丰富的营养价值和极高的经济价值,且耐储藏,在市场上极受欢迎。据2017年数据统计,“海沃德”在四川种植面积达3680hm²,是四川绿肉猕猴桃种植面积最多的品种。近年来四川猕猴桃种植区猕猴桃溃疡病严重发生,究其原因,可能是在引种、购苗和采粉过程中,缺乏合理布局规划和严格的检疫措施所造成,对产业发展造成极大威胁。猕猴桃溃疡病是一种由细菌引起的猕猴桃的毁灭性病害,该病菌可通过农事操作、苗木、花粉、风雨和昆虫等传播,气候适宜时蔓延扩散极快,且难以根治,该病一旦发生,处理稍不及时,常造成毁园现象,严重威胁猕猴桃产业的可持续发展。研究猕猴桃溃疡病空间分布型,对提高病害田间调查准确度,为预测预报提供理论支撑具有重要意义。本研究以田间调查为基础,利用经典的聚集度指标法和回归分析法对该病害的空间分布型进行测定。

1 材料与与方法

1.1 调查方法

调查地设在成都彭州市,调查品种为海沃德。2018年3月下旬至4月初,在猕猴桃溃疡病发病盛期,选择栽培密度和立地条件相似的10个猕猴桃园进行调查,以单株猕猴桃为样方,隔行取样,整行调查,每个样地共查100株。记录猕猴桃溃疡病大田病株的株数和发病情况,计算发病率和病情指数,计算公式如下所示。

式中:DI代表发病率, N_a 代表病株数, N 代表总株数

$$DI(\%) = 100 \times \sum [(G_a \times N_a) / (G_{max} \times N)]$$

式中:DI代表病情指数, G_a 代表发病级数,此处 $a = 0, 1, \dots, 5$, N_a 代表a级别对应的病株数, G_{max} 代表发病最重级的代表数值, N 代表调查总株数。式中发病级别按照张慧琴等^[1]和张锋等^[2]方法,略加改动,具体见表1。

表1 猕猴桃溃疡病大田病株病情分级标准

发病级别	分级标准
0	植株健康,无病
1	主干无病斑,枝条和叶片发病≤5%
2	主干少量病斑,枝条发病率为5%~20%
3	病斑绕主干1/4~1/2,枝条发病率为20%~50%
4	病斑绕主干1/2~3/4,枝条发病率为50%~80%
5	病斑绕主干超过3/4,枝条发病率大于80%

1.2 空间分布型测定

1.2.1 聚集指标法

参照刘波等^[3]研究方法,分别统计所调查样地

的平均病级密度(m),计算样本方差(S^2)和平均拥挤度(m^*),了解病害发生的基本情况。依据上述基础数据计算扩散系数 C 、丛生指标 I 、聚集度指标 m^*/m 、久野指数 C_A 和负二项分布参数 K 等聚集度指标,测定猕猴桃溃疡病在果园的空间分布格局;病害在样地的聚集原因利用Blackith的种群聚集均数 λ 进行分析^[4]。

1.2.2 回归模型分析法

应用Iwao回归分析法^[5]和Talor幂法则^[6]分别建立回归模型,综合分析猕猴桃溃疡病分布的内在结构。

$$Iwao \text{ 关系式为 } m^* = \alpha + \beta m$$

其中: m^* 表示平均拥挤度, m 表示平均病级密度

$$Talor \text{ 关系式为 } \lg S^2 = \lg a + b \lg m$$

其中: S^2 表示样本方差, m 表示平均病级密度

1.3 抽样技术研究

1.3.1 最适理论抽样模型

本研究采用Iwao^[7]的最适理论抽样模型对猕猴桃溃疡病的理论抽样数进行分析,并据其确定取样方式,具体公式为:

$$N = t^2 [(\alpha + 1)/m + \beta - 1] / D^2$$

式中: N 代表猕猴桃溃疡病的最适理论抽样数, t 代表概率保证, D 代表允许误差, m 代表平均病级密度, α, β 分别为 $m^* - m$ 回归关系式中的截距和斜率。

1.3.2 序贯抽样模型

应用Iwao^[8]提出的序贯分析模型,制定序贯抽样表,以此决定取样的样本数,并作为防治决策的依据。计算公式为:

$$T0(n), T1(n) = n * m_0 \pm t \sqrt{n [(\alpha + 1)m_0 + (\beta - 1)m_0^2]}$$

式中: n 代表抽样数, t 代表分布临界值, α, β 代表 $m^* - m$ 关系式中的截距和斜率, m_0 代表防治指标。

2 结果与分析

2.1 发病情况统计

调查了10个海沃德猕猴桃园猕猴桃溃疡病的发病情况,见表2。由病级均值可以看出,10个样地病级均值范围为1.5~3.59,其中8号样地病情最重,病情指数为71.8%,发病最轻的样地为4号,病情指数为10%。比较发病率可知,样本田块1和8最高,发病率均达80%,样本田块4最低,发病率为27%。

表 2 10 块样地猕猴桃溃疡病大田病株发病情况

样地	病级均值 (%)	病情指数 (%)	发病率 (%)	调查总数
1	2.9	58	80	100
2	1.85	37	58	100
3	2.03	40.6	55	100
4	0.51	10.2	27	100
5	1.92	38.4	60	100
6	1.93	38.6	61	100
7	2.6	52	64	100
8	3.59	71.8	80	100
9	3.17	63.4	79	100
10	1.5	30	51	100

表 3

聚集度指标检验结果

样地	平均拥挤度 m^*	扩散系数 C	丛生指数 I	聚集度指数 m^*/m	久野指标 C_A	负二项分布 K	聚集均数 λ
1	3.157	1.257	0.257	1.089	0.089	11.266	2.815
2	2.852	2.002	1.002	1.542	0.542	1.845	1.532
3	3.095	2.065	1.065	1.524	0.524	1.907	1.692
4	1.273	1.763	0.763	2.495	1.495	0.669	0.269
5	2.905	1.985	0.985	1.513	0.513	1.949	1.607
6	2.754	1.824	0.824	1.427	0.427	2.342	1.668
7	3.387	1.787	0.787	1.303	0.303	3.303	2.348
8	3.806	1.216	0.216	1.060	0.060	16.618	3.517
9	3.528	1.358	0.358	1.113	0.113	8.86	3.053
10	2.446	1.946	0.946	1.631	0.631	1.585	1.2

据负二项分布 K 的大小可比较聚集程度,8 号样地聚集程度最高, K 值达 16.618,4 号样地聚集程度最低, K 值为 0.669。

2.3 回归分析

2.3.1 $m^* - m$ 回归分析

根据 Iwao 提出的 $m^* - m$ 回归分析法,将平均病级密度 (m) 和平均拥挤度 (m^*) 进行线性回归拟合,建立猕猴桃溃疡病株在大田分布结构的相关回归关系式为 $m^* = 1.284 + 0.744m$ 关系数 R 值为 0.946,表明相关关系显著。式中 $\alpha = 1.284, \beta = 0.744$,其中 $\alpha > 0$,说明大田中有明显的发病中心,病株个体间相互吸引,在大田中形成小聚集团(个体群),中心病株的扩散和环境条件的影响是形成这种分布的原因; $\beta < 1$,说明病株个体群(小聚集团)在田间趋于均匀分布。

2.3.2 Taylor 幂法则

根据 1.2.2 建立幂相关大田病株的 $S^2 - m$ 的回归方程,关系式为 $\lg S^2 = 0.283 + 0.814 \lg m$,相关系数 R 值为 0.931,表明相关关系显著。式中 $b = 0.814$,即 $b > 0, a = 0.283$,即 $a < 1$,说明随着病株密度的增加病株个体的空间格局趋于均匀分布。

2.4 影响聚集的因素分析

根据聚集均数判断影响溃疡病病株的因素,结果见表 3。样地 1、7、8 和 9 的 λ 值分别为 2.815、2.348、3.517 和 3.053,值均大于 2,说明猕猴桃溃疡

2.2 空间分布型指标分析

猕猴桃溃疡病病株在大田分布的聚集度指标的检验结果如表 3 所示。10 个样本田地中的平均拥挤程度或个体邻居数介于 2.446—3.806 之间,表明不同样地病情的平均拥挤度存在较大差异。扩散系数 $C > 1$,丛生指数 $I > 0$,聚集度指数 $m^*/m > 1$,久野指标 $C_A > 0$,负二项分布 $K > 0$ 。因此,根据判定标准,猕猴桃溃疡病在田间的空间图式符合聚集分布,但在不同样地分布的聚集程度有差异。此外,根

病病株在上述田块聚集的原因是聚集行为与环境因素的共同影响所致。猕猴桃溃疡病菌是典型的低温型病害,最佳流行温度为 $2^\circ\text{C} \sim 15^\circ\text{C}$,超过 25°C 病害基本停止蔓延, 15°C 时最利于病菌自身的繁殖和发展。研究表明,该病多从受伤的枝叶处进入树体,而后随着树液的流动扩散至主干和根部,说明病菌的聚集行为和环因素会导致病株的聚集。样本田块 2、3、4、5、6 和 10 的 λ 值分别为 1.532、1.692、0.269、1.607、1.668 和 1.2,均小于 2,表明某些环境如气候、栽培条件、植株生育状况等因素是导致猕猴桃溃疡病病株在上述田块的聚集的原因,与其本身的聚集习性无关。猕猴桃溃疡病菌为细菌性病害,其能否大面积爆发,与寄主品种和自身抗性有很大关系。研究表明,该病通过风、雨、昆虫、农事操作等方式传播和流行,这也可能是导致病株在大田的聚集的重要因素。

2.5 抽样模型分析

2.5.1 最适理论抽样模型

将 $m^* - m$ 回归式中的系数 $\alpha = 1.826$ 和 $\beta = 0.55$,取 $t = 1.96$ (95% 置信区间的概率保证值) 代入 1.3.1 中最适理论抽样公式,得 $N = t^2 (2.284/m - 0.054)/D^2$,理论抽样见表 4。在相同平均病情等级的田块,随着允许误差的增大,所需抽样数显著减少;允许误差相同时,抽样数随平均病情等级的升高而减少(见表 2、表 4)。图 1 是允许误差 $D = 0.2$

时(抽样数适中且误差较小)不同病情指数与对应最适理论抽样数关系图,由图中可知当病情指数为5%、25%和50%时,所需的最适抽样数分别为1056株、181株和59株,随着病情指数的增加,大田病株所需抽样数相应减少。

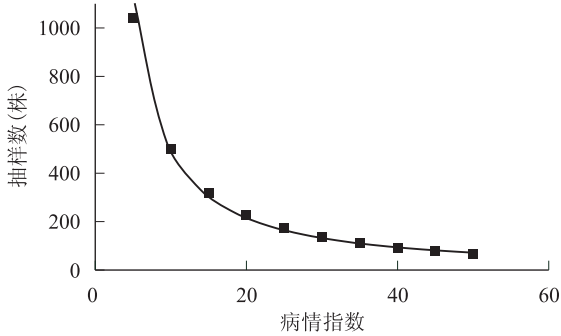


图1 不同病情指数情况下所需的最适抽样数

表5 猕猴桃溃疡病序贯抽样检索表

$T_{1(n)}$	调查株数/株																
$T_{0(n)}$	10	15	20	25	30	35	40	50	60	70	90	90	100	110	120	130	140
上限	22	31	39	47	54	62	69	84	99	113	127	142	156	170	184	198	211
下限	3	7	11	16	21	26	31	41	51	62	73	83	94	105	116	127	139
$T_{1(n)}$	调查株数/株																
$T_{0(n)}$	150	160	170	180	190	200	210	220	230	240	250	260	270	280	290	300	
上限	225	239	253	266	280	293	307	321	334	348	361	375	388	401	415	428	348
下限	150	161	172	184	195	207	218	229	241	252	264	275	287	299	310	322	252

等级在上下限之间时,则应继续抽样调查,以理论抽样模型中的最大抽样数终止抽样。

3 结论与讨论

本研究通过对病害的田间调查,依据经典的数理统计方法对该病害的空间分布格局进行了研究,结果表明,根据聚集度指标测定,猕猴桃溃疡病在田间呈聚集分布。 $m^* - m$ 回归分析法分析表明,猕猴桃病株以个体群形式分布于大田且存在明显的发病中心。应用种群聚集均数检验病株聚集原因可知,说明猕猴桃溃疡病在一些田块是由其聚集行为与环境因素共同影响所致,而在其他田块则仅为某些环境因素等所致。猕猴桃溃疡病为低温型病害,多在1月中下旬发病,此时处于果树休眠期,低温会导致树体冻伤,自身抵抗力下降,利于病菌大面积侵染。另外人为因素如苗木运输、人工授粉、枝条修剪等也会导致猕猴桃溃疡病菌大面积发生、聚集和流行。因此导致该病在大田聚集的原因多种多样,与本研究结果符合。通过理论抽样模型计算不同病情指数下的最适抽样数,结果表明随着病情指数的增加,大田病株所需抽样数也相应减少,通过此模型可

表4 猕猴桃溃疡病大田病株的理论抽样数

允许误差	不同样地的理论抽样数(株)								
	1	2	3	5	6	7	8	9	10
0.1	204	376	334	1622	359	356	239	146	178
0.2	51	94	83	406	90	89	60	36	45
0.3	23	42	37	180	40	40	27	16	20
0.4	13	23	21	101	22	22	15	9	11

2.5.2 序贯抽样模型

本研究中设定 $m_0 = 0.5$, 将 a, b, t, m_0 代入模型公式, 得出判据上下限计算公式为: $T_{0(n)}, T_{1(n)} = 1.25n \pm 3.07\sqrt{n}$ 。据公式建立猕猴桃溃疡病序贯抽样检索表(见表5)。抽样时应注意累计病情等级除以取样数为平均病情等级,调查猕猴桃的累计病情等级超过上限时,判定该田块为防治对象田;累计病情等级未超过下限时,确定为不防治田;当累计病情

为猕猴桃溃疡病田间取样提供参考,减少调查的盲目性。

参考文献:

- [1] 张慧琴,李和孟,冯健君,等. 浙江省猕猴桃溃疡病发病现状调查及影响因子分析[J]. 浙江农业学报,2013,25(4):832~835.
- [2] 张锋,陈志杰,张淑莲,等. 猕猴桃溃疡病药剂防治技术研究[J]. 西北农林科技大学学报(自然科学版),2005,33(3):71~75.
- [3] 刘波,朱育菁,肖荣凤,等. 西瓜枯萎病病株空间分布格局及其抽样技术[J]. 生态学报,2004,24(9):2043~2049.
- [4] 刘磊,梁昌聪,曾迪,等. 香蕉枯萎病田间分布型及病原菌在植株上的分布[J]. 生态学报,2015,35(14):4742~4753.
- [5] Iwao S. Application of the $m^* - m$ method to the analysis of spatial patterns by changing the quadrat size method to the analysis of spatial patterns by changing the quadrat size[J]. Researches on Population Ecology, 1972, 14(1):97~128.
- [6] Taylor L R. Aggregation, Variance and the Mean[J]. Nature, 1961, 189(4766):732~735.
- [7] Iwao S. A new regression method for analyzing the aggregation pattern of animal populations[J]. Researches on Population Ecology, 1968, 10(1):1~20.
- [8] Iwao S. An approach to the analysis of aggregation pattern in biological populations[J]. Statistical Ecology, 1971, 1(953):269~275.