

水稻黑条矮缩病空间分布格局及抽样技术研究

赵敏¹, 张国忠¹, 李荣¹, 吴传伟¹, 何丽娟¹, 王华弟², 杨廉伟³

(1. 浙江省桐庐县农业技术推广中心, 浙江 桐庐 311500; 2. 浙江省植物保护检疫局, 杭州 310020;
3. 浙江省天台县植保站, 浙江 天台 317200)

摘要: 为了提高对黑条矮缩病监测预报与综合防治水平, 对浙西北杂交水稻黑条矮缩病侵染循环及空间分布格局与抽样技术进行了调查研究, 明确了杂交水稻黑条矮缩病丛的空间分布格局以聚集分布或趋随机分布为主, 其次为均匀分布。在丛发病率较高或较低时, 为聚集分布型。根据杂交水稻黑条矮缩病丛在田间以聚集分布居多的特点, 抽样调查以选择单行或双行直线平行跳跃法等较宜。理论抽样数模型为 $n=(1.96)^2/D^2(1.08541/m-0.1786)$ 。

关键词: 杂交水稻; 黑条矮缩病; 侵染循环; 空间格局; 抽样技术

中图分类号: S435.11

文献标志码: A

文章编号: 2095-3704(2012)02-0194-04

水稻黑条矮缩病(Rice black-streaked dwarfviral disease, RBSDV) 是一种由灰飞虱 (*Laodelphax striatellus* Fallén) 为主要传播媒介的病毒病, 极具暴发性、间歇性和迁移性。水稻一旦发病, 难以防治, 被称为水稻“癌症”。20 世纪 60 年代中期黑条矮缩病在华东地区的稻、麦和玉米等禾谷类粮食作物上发生危害严重, 以浙江发病较重, 致使当时以东阳为中心的浙中玉米种植区被迫改制。此后的 20 年发病面积迅速下降, 直至 20 世纪 70 年代销声匿迹。自 20 世纪 90 年代后期起, 浙江省水稻黑条矮缩病不断蔓延, 发病范围也在扩大, 在浙江中南部的杂交水稻种植地区均有发病, 尤以台州、温州、金华、衢州市发病严重。一般发病田块株发病率 10%~30%, 严重发病田块株发病率 70% 以上, 甚至绝收^[1-8]。

近年来, 受耕作栽培制度改变、毒源虫源累积、品种抗病性下降和气候条件等因素综合影响, 由黑条矮缩病毒引起的玉米粗缩病(MRDV) 再度上升, 并在浙西北玉米产区暴发流行。2008 年桐庐等地突发大面积玉米病毒病, 全县 13 个乡镇、街道玉米病毒病发生较重的面积超过 1 000 hm², 约占种植面积的 53.8%, 严重的已造成绝收^[9-10]。且在桐庐局部地区杂交水稻黑条矮缩病发生也较重。由于水稻

黑条矮缩病是系统性侵染的病毒病, 杂交水稻单本插, 一旦发病则整丛受害造成矮缩, 往往危害损失率较大。目前, 对水稻黑条矮缩病发生规律及持续控制技术研究等已有很多报道, 但尚未见对单本插的杂交水稻田黑条矮缩病空间分布格局与抽样技术研究的报道。为进一步明确杂交水稻黑条矮缩病在浙西北地区不同寄主上的侵染循环及其空间分布格局, 笔者于 2011 年对杂交水稻黑条矮缩病病丛(株) 空间格局和抽样技术进行了调查研究。以期对浙西北杂交水稻种植区黑条矮缩病的准确抽样调查和有效防控提供科学依据。

1 材料与方 法

1.1 调查内容

水稻黑条矮病在桐庐县不同寄主上的侵染循环。于 2011 年 7 月中旬, 在桐庐县凤川镇三源村华家塘选取不同发病程度的单季杂交稻田 8 块, 水稻品种为“内 5 优 8015”, 5 月 20 日左右播种, 6 月中旬单本插(移栽)。调查采用单行直线取样: 每样方 5 丛(株), 逐行逐丛调查, 每块田抽样调查 200~220 个样方, 分别记载每样方发病丛数。

1.2 空间分布型研究方法

1.2.1 聚集度指标检验法 平均拥挤度 m^* 指标

收稿日期: 2012-05-23

基金项目: 公益性行业(农业) 科研专项(200903004); 浙江省科技厅重大科技攻关项目(2010C12027); 杭州市农业丰收计划项目(2011F1-1)

作者简介: 赵敏, 男, 推广研究员, 主要从事农业病虫害监测预报和植保技术与推广工作。E-mail: zjhztzm@163.com。

^[11-13], $m^* = m + [(s^2/m) - 1]$, 式中, m 为平均密度, s^2 为样本方差。

丛生指标 $I^{[14]}$, $I = (s^2/m) - 1$, 当 $I < 0$ 时为均匀分布, $I = 0$ 时为随机分布, $I > 0$ 时为聚集分布。

Cassie 指标 $CA^{[14-16]}$, $CA = [(s^2/m) - 1]/m$, 当 $CA < 0$ 时为均匀分布, $CA = 0$ 时为随机分布, $CA > 0$ 时为聚集分布。

聚块性指标 $m^*/m^{[14-16]}$, 当 $m^*/m < 1$ 时为均匀分布, $m^*/m = 1$ 时为随机分布, $m^*/m > 1$ 时为聚集分布。

负二项分布参数 K 指标^[14-16], $K = m/[(s^2/m) - 1]$, 当 $K < 0$ 时为均匀分布, $K \rightarrow +\infty$ 时为随机分布, $K > 0$ 时为聚集分布。

Beall 扩散系数 C 指标^[14-15], $C = s^2/m$, 当 $C < 1$ 时为均匀分布, $C = 1$ 时为随机分布, $C > 1$ 时为聚集分布。对计算结果为非整数 1 情况下, 确定允许偏离判别标准范围采用 F 测验^[17], 即用自由度 $n_1 = n - 1$, $n_2 = \infty$ 来查表, 若 C 值大于 F 表中数值, 则说明与随机分布的差异显著而趋向于聚集分布。

数据处理采用 DPS 软件计算, 先计算各田块的样本平均数(m)和方差(s^2), 再计算聚集度指标等^[18]。

1.2.2 m^*-m 回归分析法 Iwao^[11]、陈方^[12]建立了回归式 $m^* = a + \beta m$, 当 $a = 0$ 分布的基本成分是单个个体, $a < 0$ 个体间相互排斥, $a > 0$ 个体间相互吸引, 分布的基本成分是个体群, 当 $\beta < 1$ 时为均匀分布, $\beta = 1$ 时为随机分布, $\beta > 1$ 时为聚集分布。

1.2.3 幂法则 幂法则^[14-16], $\log s^2 = \log a + b \log m$, 当 $b \rightarrow 0$ 时为均匀分布, $b = 1$ 时为随机分布, $b > 1$ 时为聚集分布。

1.3 抽样技术研究方法

1.3.1 理论抽样数 Iwao^[19]、陈方^[20]指出, 只要昆虫种群 m^*-m 成线性关系, 就可以利用聚集度参数 a 、 β 来决定抽样数。抽样数的计算公式为: $n = t^2/D^2 \{[(a+1)/m] + (\beta-1)\}$ 。式中 n 为所需抽样数, m 为预备调查时田间的粗略虫口密度, D 为允许误差, t 是 D 的概率保证, a 、 β 为 m^*-m 回归式中的 2 个参数。根据 Iwao 的 m^*-m 直线回归 $m^* = a + \beta m$ 所得常数 a 、 β 值代入统计式 $n = t^2/D^2 \{[(a+1)/m] + (\beta-1)\}$, 则可求出田间调查理论抽样数。

2 结果与分析

2.1 水稻黑条矮病侵染循环

浙西北桐庐地区耕作栽培制度主要为小麦(油

菜)-单季稻(夏玉米), 水稻黑条矮病的侵染循环为单季晚稻收割后, 在其上繁殖的灰飞虱第 6 代若虫和部分第 5 代成虫迁移到麦苗及其周围的看麦娘、罔草等禾本科杂草上越冬, 同时将单季晚稻的病毒传给麦苗和杂草寄主。翌年 5 月中下旬随着小麦和杂草寄主的衰老, 第 1 代成虫迁移到春夏玉米、早稻、单季秧田和本田, 同时将小麦和杂草寄主上的病毒传给水稻和玉米, 成为其发病的初次传染源; 灰飞虱在春夏玉米和单季晚稻等寄主上繁殖第 2、3 代, 随着春夏玉米的成熟和收获, 以及杂草寄主的衰老, 第 2、3 代成虫迁向单季晚稻, 同时将玉米和杂草寄主上的病毒传给单季晚稻, 在单季晚稻田繁殖的第 3 代成虫对分蘖拔节期的单季晚稻起再次侵染作用; 10 月中下旬后, 随着单季晚稻成熟和收获, 在单季晚稻上繁殖的第 6 代若虫和部分第 5 代成虫又迁入麦田和冬季杂草寄主上越冬, 同时将单季晚稻上的病毒传给小麦和杂草寄主, 以此完成病毒病的年侵染循环。

2.2 空间分布型测定结果

对 8 块杂交水稻田黑条矮缩病聚集度指标测定结果(表 1): 5 块田为聚集分布或趋随机, 3 块田为均匀分布。在杂交水稻黑条矮缩病丛发病率较高或较低时, 为聚集分布型。

经 m^*-m 回归分析法检验, 关系式为 $m^* = 0.08541 + 0.82140m$ ($R = 0.6981$), $a = 0.08541 > 0$ 、 $\beta = 0.82140 < 1$, 说明个体间相互吸引, 分布的基本成分是个体群, 趋随机分布。

经 Taylor 幂法则拟合方程: $\lg s^2 = -0.02048 + 0.94822 \lg m$ ($R = 0.9896^{**}$), $b = 0.94822 < 1$, 说明趋随机分布。

2.3 抽样技术

2.3.1 理论抽样数 Iwao 的 m^*-m 呈直线回归关系的最适理论抽样模型为: $n = (1.96)^2/D^2(1.08541/m - 0.1786)$, 即杂交水稻黑条矮缩病在不同病丛率时的理论抽样数。

由表 2 可知, 在杂交水稻黑条矮缩病丛发病率 5% 时, 若允许误差 $D = 0.4$, 需具有代表性抽样, 则至少调查样方 100 个(500 丛)。在同一发病密度要求水平下, 理论抽样数随允许误差的增大而减小。在同一允许误差水平下, 理论抽样数随病丛密度的增大逐渐变小。因此, 随着允许误差的增加, 水稻黑条矮缩病丛发病率的提高, 抽样数则递减。

表 1 杂交水稻黑条矮缩病聚集度指标测定结果

序号	调查数 /丛	病丛率 /%	样方数	平均病丛数 /样方	方差	拥挤度 m^*	I 指标	m^*/m 指标	Ca 指标	扩散系数 C	K 指标	分布型
1	1000	8.1	200	0.405	0.4331	0.4744	0.0694	1.1713	0.1713	1.0694	5.8372	聚集
2	1000	6.5	200	0.325	0.3612	0.4364	0.1114	1.3427	0.3427	1.1114	2.9178	聚集
3	1000	5.4	200	0.27	0.2483	0.1894	-0.0804	0.7023	-0.2977	0.9196	-3.3594	均匀
4	1000	4.8	200	0.24	0.2436	0.255	0.015	1.0625	0.0625	1.015	16	聚集趋随机
5	1100	3.09	220	0.1545	0.1495	0.1221	-0.0324	0.7905	-0.2095	0.9676	-4.7741	均匀
6	1000	2.7	200	0.135	0.1274	0.0787	-0.0563	0.583	-0.417	0.9437	-2.398	均匀
7	1000	2	200	0.1	0.1206	0.306	0.206	3.06	2.06	1.206	0.4854	聚集
8	1000	1.1	200	0.055	0.0632	0.2041	0.1491	3.7107	2.7107	1.1491	0.3689	聚集

表 2 杂交水稻黑条矮缩病的理论抽样数

平均病丛数 /样方	平均病丛率 /%	不同允许误差的样方数		
		$D=0.2$	$D=0.3$	$D=0.4$
0.05	1	2068	919	517
0.1	2	1025	456	256
0.15	3	678	301	169
0.2	4	504	224	126
0.25	5	340	178	100
0.3	6	330	147	83
0.35	7	281	125	70
0.4	8	243	108	61
0.45	9	223	95	54
0.5	10	191	85	48
0.6	12	157	70	39
0.7	14	132	59	33
0.8	16	113	50	28
0.9	18	99	44	25
1	20	87	39	22
1.25	25	66	29	17
1.5	30	52	23	13

3 结论

通过聚集度指标法测定检验, 结果表明杂交水稻黑条矮病病丛空间分布格局以聚集分布或趋随机分布为主, 其次为均匀分布。经 Iwao 法和 Taylor 幂法则检验, 为趋随机分布。

应用 Iwao 抽样通式建立了最适理论抽样数模型: $n=(1.96)^2/D^2(1.08541/m-0.1786)$ 。由此制定了杂交水稻黑条矮病在不同病丛率、不同允许误差时

的理论抽样数表作为测报调查时参考。建议杂交水稻黑条矮病在病丛率较低 3%($m=0.15$)时, 若允许误差 $D=0.4$, 则至少需调查样方 169 个 (845 丛); 在病丛率较高 5%($m=0.25$)时, 若允许误差 $D=0.4$, 则至少需调查样方 100 个 (500 丛); 在病丛率高达 10%($m=0.5$)时, 允许误差 $D=0.4$, 则至少需调查样方 48 个 (240 丛); 在病丛率高达 20%($m=1$)时, 允许误差 $D=0.4$, 则至少需调查样方 22 个 (110 丛)。

4 讨论

水稻黑条矮病流行发病程度取决于毒源、媒介和感病品种的相互作用,与带毒灰飞虱发生量、传毒率,以及水稻敏感生育期相关。通过聚集度指标法、Iwao法和Taylor幂法则的测定检验,首次明确了浙西北杂交水稻黑条矮病病丛在田间分布以聚集分布或趋随机分布为主,其次为均匀分布。在杂交水稻黑条矮缩病丛发病率较高或较低时,为聚集分布型。根据杂交水稻黑条矮病病丛在田间空间分布以聚集分布的田块居多,因此建议对杂交水稻田间抽样调查选择以单行或双行直线平行跳跃法等较宜。每块田的取样总数及取样点数,应结合当地实际调查需要,可参照理论抽样数表来确定。

参考文献:

- [1] 浙江省农业科学院植保所病毒组. 水稻病毒病[M]. 北京: 农业出版社, 1985.
- [2] 阮义理, 陈声祥, 林瑞芬, 等. 水稻黑条矮缩病的研究[J]. 浙江农业科学, 1984, (4): 185-187.
- [3] 陈声祥, 张巧艳. 我国水稻黑条矮缩病和玉米粗缩病研究进展[J]. 植物保护学报, 2005, 32(1): 97-103.
- [4] 王华弟. 粮食作物病虫害测报与防治[M]. 北京: 中国科学出版社, 2005.
- [5] 祝增荣, 吴惠玲, 廖璇刚, 等. 灰飞虱传播水稻黑条矮缩病流行及其治理[A]. 程家安, 周伟军. 跨世纪农业发展研究[C]. 北京: 中国环境科学出版社, 1998, 458-464.
- [6] 陈声祥, 吴惠玲, 廖璇刚, 等. 水稻黑条矮缩病在浙中的回升流行原因分析[J]. 浙江农业科学, 2000, (6): 287-289.
- [7] 祝增荣, 李红叶, 王华弟, 等. 灰飞虱: 死灰复燃还是烟飞灰灭[A]. 成卓敏. 农业生物灾害预防与控制研究[C]. 北京: 中国农业科学出版社, 2005, 356-363.
- [8] 王华弟, 祝增荣, 陈剑平, 等. 水稻黑条矮缩病发生流行规律、监测预警与防控关键技术[J]. 浙江农业学报, 2007, 19(3): 141-146.
- [9] 王华弟. 玉米病毒病监测与防治[M]. 北京: 中国农业科学技术出版社, 2011: 1-2.
- [10] 赵敏, 王华弟, 李荣, 等. 浙西北玉米粗缩病及介体灰飞虱发生为害动态与防控对策探讨[A]. 中国植物病理学会 2011 年学术年会论文集[C]. 北京: 中国农业科学技术出版社, 2011: 507-513.
- [11] 朱金良, 王华弟, 张跃, 等. 麦田灰飞虱种群空间分布型及抽样技术探讨[J]. 中国农学通报, 2007, 23(8): 382-386.
- [12] 张强翔, 任应党, 林克剑, 等. 沿黄稻区灰飞虱越冬种群的时空分布及抽样技术研究[J]. 应用昆虫学报, 2011, 48(3): 616-621.
- [13] 胡英华, 张建华, 薛慎, 等. 灰飞虱种群空间分布型及抽样技术研究[J]. 山东农业科学, 2010, (12): 47-49, 52.
- [14] 姚乃忱, 王艳辉, 孟庆辉, 等. 杨树肿茎溃疡病空间分布型及抽样技术[J]. 河北林业科技, 2010, (3): 14, 19.
- [15] 王会福, 汪恩国, 陈伟强. 单季稻褐飞虱空间分布格局及其抽样技术[J]. 中国农学通报, 2010, 26(12): 270-273.
- [16] 张圭松, 吴婷芳, 罗英才, 等. 水稻细菌性条斑病的空间格局及其应用[J]. 植物保护, 1989, 15(2): 24-26.
- [17] 郭祥光. 昆虫生态学的常用数学分析方法[M]. 北京: 农业出版社, 1963: 343-517.
- [18] 唐启义, 冯明光. 实用统计分析及其 DPS 数据处理系统[M]. 北京: 科学出版社, 2002.
- [19] Iwao S. A new regression method for analyzing the aggregation pattern of animal populations[J]. Researches on Population Ecology, 1968(10): 1-20.
- [20] 陈方. 在昆虫学研究中正确应用 Iwao 的理论抽样数公式[J]. 西南林学院学报, 1992, 12(1): 105-107.