

水稻纹枯病流行的时间动态模拟分析^①

李成文¹, 谭万忠¹, 欧增奇², 张卫³,
殷利利¹, 王志坤¹, 周冠军¹

1. 西南大学 植物保护学院, 重庆 400716; 2. 西南大学 数学学院, 重庆 400715
3. 重庆市农业技术推广总站, 重庆 400010

摘要: 通过田间小区试验获得水稻生长季节中纹枯病(*Rhizoctonia solani*)相对严重度(x)随时间(t)而变化的动态消长曲线, 用 EpiTilimulactor 软件计算出单分子、逻辑斯蒂、龚伯茨和理查德拟合模型. 根据各模型的检验参数分析比较 4 种理论函数对纹枯病进展曲线的拟合性, 发现单分子函数的拟合性最差, 龚伯茨函数优于逻辑斯蒂函数; 当确定适当形状参数 m 值时, 用理查德函数可获得纹枯病发展动态的最优拟合模型, 其决定系数最高而卡方值和均方根误差值最小. 在实验中设置了 3 个纹枯病接种处理并获得 3 条病害进展曲线, 用理查德对它们进行拟合所得到的拟合模型分别是:

$$x = [1 + 0.1874 \exp(-0.2139t)]^{-20.5699} \pm 0.0170 \quad (m=1.0486, R=0.9822, \chi^2=0.0109)$$

$$x = [1 - 0.6903 \exp(-0.2103t)]^{3.6881} \pm 0.0198 \quad (m=0.7289, R=0.9885, \chi^2=0.0109)$$

$$x = [1 + 0.6364 \exp(-0.4316t)]^{-8.0703} \pm 0.0277 \quad (m=1.4433, R=0.9882, \chi^2=0.0156)$$

关键词: 水稻纹枯病; 流行时间动态; 拟合分析; 理查德模型

中图分类号: S435.111.4⁺2

文献标识码: A

水稻纹枯病(*Rhizoctonia solani*, 有性态 *Thanatephorus cucumeris*)是一种在全世界水稻栽培区普遍发生和危害的重要病害^[1,2], 其引起的水稻产量损失一般在 15%~20%之间, 严重的可达 60%~70%. 在我国许多地区, 纹枯病的发生和危害已经超过稻瘟病而成为水稻作物上最重要的病害^[3,4]. 1995 年在荷兰召开了第 2 届水稻纹枯病会议, 重点讨论了纹枯病病原菌的病理学、分类学、生态学和病害的控制, 在病害的病原学、症状学和综合控制等方面均取得了较大的进展^[5-7]. 由于病原菌 *R. solani* 的致病性分化不明显, 迄今还没有发现其存在不同的生理小种, 相应地在水稻作物方面也没有明显的强抗病品种^[6,8], 所以多年以来对纹枯病的控制主要是采用以井冈霉素药剂为主并结合农业栽培措施的配套技术防治策略^[9]. 在纹枯病的流行病学方面, 近年来也有一些研究并且取得进展, 基本上揭示了病害发生发展的流行规律和提高了预测预报技术水平, 但是这些研究及其所取得的成果多局限于对环境和气象因子影响方面的定性描述, 病害发生预报主要是基于这些因素和病原菌为预报因子的线性预报, 而在病害流行时间动态定量研究及病害的非线性模型模拟与预报方面, 尚未见报导.

植物病害流行的时间动态是植物病害流行学研究的中心论题之一, 探讨病害的季节流行动态是作物病害流行的非线性模型预报的基础, 对于制定和实施病害的综合控制也具有重要的指导作用^[10]. 在作物病害时间动态模拟中现已引入的数学模型有单分子模型、指数增长模型、逻辑斯蒂模型、龚伯茨模型和理查德模型等, 这些理论模型分别是适用于拟合不同类型的病害进展曲线. 在这些理论模型中, 以逻辑斯蒂模型

① 收稿日期: 2006-10-26

作者简介: 李成文(1981-), 男, 四川南部人, 硕士研究生, 主要从事植物病害流行及应用软件研究.

通讯作者: 谭万忠, 西南大学教授, 博士.

和龚伯茨模型的研究和应用最为广泛,使用这 2 个理论模型已经建立了多种重要作物病害的非线性拟合模型^[11-13].单分子模型适合于拟合单循环病害的流行.虽然理查德函数被认为是植物病害流行动态的通用拟合模型^[14],但是由于应用该函数时需要涉及到非常复杂的数学计算及统计学分析,所以迄今还没有见到用它建立的作物病害流行动态拟合模型.在本研究中,我们应用专门研制的植物病害流行动态模拟软件 Epi-timulator,对水稻纹枯病的流行时间动态进行了分析,比较了单分子、逻辑斯蒂、龚伯茨和理查德模型对纹枯病流行进展曲线的拟合性,在此基础上进行分析比较,确立水稻纹枯病季节流行动态的最佳非线性拟合模型.

1 材料与方法

1.1 试验田

试验田选择在位于重庆市北碚区的西南大学校内农场,在实验研究的前一年将田内长年灌水尽可能降低或致死可能存在于土壤中的纹枯病菌接种体,并在水稻移栽前的土壤翻耕后打捞除去水面上漂浮的所有残渣,并将其中的水全部放干后重新灌溉新鲜水.经过如此程序之后取水样和土样检查,没有发现样品中有纹枯病菌的菌丝和菌核.

1.2 实验作物

实验所用的汕优 63 品种,是在我国广泛栽培且较为感病的杂交水稻品种.先将水稻种子在约 45 °C 温水中浸泡 24 h,而后播种在精心准备的温室苗床内.播种 3 周后将稻苗移栽到试验田中,密度为窝行距 15 cm×23 cm.移栽后采用常规的稻田中耕除草、肥水管理及害虫控制措施,但不防治病害.

1.3 病菌接种体

在实验前一年从水稻病株上分离得到纹枯病菌纯培养,置于 4 °C 冷藏箱中保存.处理前将保存的菌种转移到马铃薯葡萄糖琼脂培养基(PDA)上,在 25 °C 生长箱中培养 7 d;另外将谷壳浸泡 24 h 发胀并在消毒锅中蒸煮灭菌,装入经酒精消毒的 2 L 玻璃瓶中.每个瓶的谷壳中植入 1 个培养皿的病菌培养物后加上瓶盖,置于 25 °C 生长室中培养,待菌丝长满整个瓶内谷壳后(约 14 d)用于田间接种.

1.4 试验设计和接种处理

研究拟通过不同初始接种量获得 3 种病害水平,其接种量分别为 50 g·m⁻², 90 g·m⁻² 和 130 g·m⁻²,另外设不接种对照处理(CK).每种病害处理设 5 次重复(小区),不同病害处理的小区随机排列.接种 3 d 前先将稻田水彻底排干,作埂划分小区,小区面积为 5.0 m×2.4 m,小区之间相隔 0.5 m,田边留约 2.0 m 的稻苗作为保护行.将每个小区所需的病菌谷壳接种体均匀地撒播在土面上,撒播时尽量接近地面,使稻植株上不能降落接种体.接种 5 d 之后再给稻田进行浅水灌溉.

1.5 病害调查记录与统计分析

从接种病菌后 2 周开始,每 10 d 调查 1 次,采用“无伤害”法直接观察,每次每小区随机测量 30 个植株的高度(TH)和纹枯病病斑到达植株的高度(LH),按下式计算每个小区的相对病害严重度(x):

$$x = \frac{1}{30} \sum \frac{LH}{TH}$$

在记录病害的同时,按 Lancashire 等(1991)^[15]的标准观察记录水稻的生育期(growth stage, GS),并用数字编码(code)表示.

1.6 动态模型拟合

将记录得到的 3 种处理的纹枯病相对严重度绘制成病害进展曲线,然后用我们新近研制的模型模拟软件 Epi-timulator 来拟合这些曲线,并根据有关模型参数比较确定出纹枯病的最优拟合模型.

3 结果与分析

3.1 纹枯病的发生和发展

将对照和几种接种处理的水稻纹枯病相对严重度数据进行整理,计算出各个生育期的平均严重度值并列如表 1 中.从调查结果可以看出,对照处理的水稻在整个生长季节中基本上没有发生病,而几个接种处

理的植株上则不同程度地发病: 接种量越高则发病越严重. 同时, 随着时间和水稻生育期的进展, 病害严重程度也不断增大, 表现出稳定的增长动态. 由此表明各试验处理是比较成功的.

表 1 接种后不同时间记录的 3 种纹枯病处理水稻上的相对病害严重度

	不同时间和水稻生育期的病害相对严重度							
调查日期(月·日)	5.31	6.11	6.21	7.1	7.11	7.21	7.31	8.10
水稻生育期	23	28	31	36	41	59	71	82
对照	0.00	0.00	0.00	0.02	0.02	0.05	0.04	0.05
处理 1: 50 g · m ⁻²	0.00	0.05	0.10	0.17	0.18	0.26	0.37	0.43
处理 2: 90 g · m ⁻²	0.05	0.11	0.15	0.28	0.38	0.48	0.53	0.58
处理 3: 130 g · m ⁻²	0.06	0.15	0.21	0.45	0.58	0.74	0.79	0.82

注: 表中每一严重度值为 5 次重复的平均值.

3.2 病害进展曲线与模拟

按照植病流行动态模拟的程序, 用 3 种接种处理的病害严重度值绘制成病害进展动态曲线(图 1), 通过该图可以看出 3 种处理的病害曲线存在着较大的差异. 根据水稻纹枯病及其记录的病害曲线特点, 初步确定采用单分子、龚伯茨、逻辑斯蒂和理查德模型进行曲线拟合, 这里给出这 4 个理论模型的积分方程(表 2).

将表 1 中的病害进展数据录入 Excel 文档, 然后在运行 Eptimulator 软件时调用该文档, 并选择要使用的理论模型(单分子、逻辑斯蒂、龚伯茨和理查德), 软件就能输出所得到的拟合模型及相关的模型比较参数(卡方 χ^2 、决定系数 R 及均方根误差 RMSE)值(表 3).

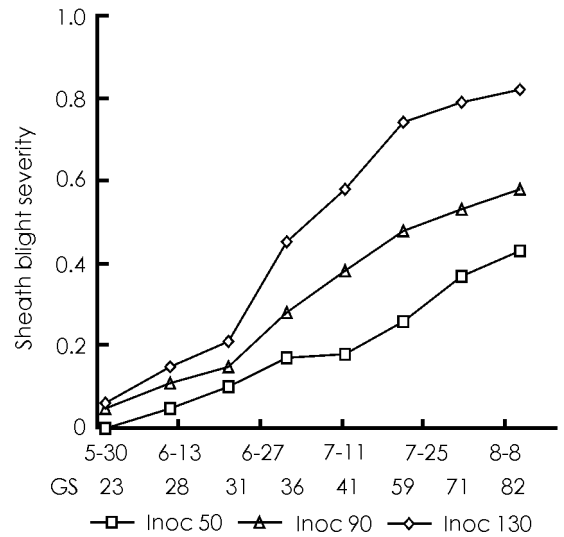


图 1 不同处理水稻上纹枯病的生长曲线

3.3 水稻纹枯病的最佳拟合模型

由输出结果(表 3)可以看出, 分别应用 4 种理论模型拟合纹枯病进展曲线均得到了显著的拟合模型, 但是仔细观察和综合比较这些拟合模型的检验参数可知, 单分子模型的拟合性最差, 龚伯茨函数比逻辑斯蒂方程对纹枯病的拟合性更好, 而由理查德函数所得到的拟合模型之决定系数最高, 卡方值和均方根误差值最小. 因此, 用理查德函数模拟所得到的模型, 是水稻纹枯病季节发展和流行动态的最佳拟合模型.

表 2 植物病理流行时间动态的 3 种理论模型

模型	积分方程	拐点	形状参数/m
单分子	$x = 1 - (1 - x_0)e^{-rt}$	$x = 0$	0
龚伯茨	$x = e^{-(\ln x_0)e^{-rt}}$	$x = \frac{1}{e}$	$\rightarrow 1$
逻辑斯蒂	$x = \left\{ 1 + \frac{1 - x_0}{x_0} e^{-rt} \right\}^{-1}$	$x = \frac{1}{2}$	2
理查德	$x = \left[1 - (1 - x_0^{1-m})e^{-rt} \right]^{\frac{1}{1-m}} (m < 1)$ $x = \left[1 + (-1 + x_0^{1-m})e^{-rt} \right]^{\frac{1}{1-m}} (m > 1)$	$x = m \frac{1}{1-m}$	m

注: m 为形状参数, r 为病害增长率, x 和 x_0 分别为 t 和 t_0 时间的病害量值(0 < x < 1).

4 结论与讨论

Berger(1981)分别用 logistic 和 Gompertz 模型拟合了 100 多套病害流行时间动态数据, 其发现 Gompertz 模型对其中大多数流行曲线的拟合性都优于 logistic 模型^[12]. 本研究对纹枯病的 3 种处理的进展曲线的拟合结果同样证明采用 Gompertz 模型比用 logistic 模型能够获得更好的模拟模型. 一般认为纹枯病之类的病害属于单利(或单循环)病害, 应当采用单分子模型进行模拟^[13], 本研究结果却显示单分子模型对水稻

纹枯病的拟合性最差.

表 3 用 4 种理论模型分析获得的水稻纹枯病拟合模型

理论函数	处 理	χ^2	R	RMSE	拟合模型	m 值
单分子模型	I	0.116 5	0.947 0	0.030 5	$x=1-1.073 1 \exp(-0.084 3 t)$	0
	II	0.339 6	0.980 7	0.033 4	$x=1-1.147 3 \exp(-0.125 4 t)$	0
	III	0.331 3	0.951 9	0.089 0	$x=1-1.463 1 \exp(-0.267 8 t)$	0
逻辑模型	I	0.015 8	0.968 6	0.019 3	$x=[1+23.041 6 \exp(-0.423 5 t)]^{-1}$	2
	II	0.042 9	0.957 6	0.043 8	$x=[1+21.928 8 \exp(-0.468 4 t)]^{-1}$	2
	III	0.022 7	0.981 0	0.035 3	$x=[1+25.8135 \exp(-0.6942t)]^{-1}$	2
龚氏模型	I	0.010 8	0.982 2	0.017 2	$x=\exp[-3.575 8 \exp(-0.205 5 t)]$	$\rightarrow 1$
	II	0.013 2	0.985 1	0.023 3	$x=\exp[-3.710 5 \exp(-0.253 4 t)]$	$\rightarrow 1$
	III	0.023 2	0.986 6	0.030 4	$x=\exp[-4.687 5 \exp(-0.434 7 t)]$	$\rightarrow 1$
理查德模型	I	0.010 9	0.982 2	0.017 0	$x=[1+0.187 4 \exp(-0.213 9 t)]^{-20.569 9}$	1.048 6
	II	0.010 9	0.988 5	0.019 8	$x=[1-0.690 3 \exp(-0.210 3 t)]^{3.688 1}$	0.728 9
	III	0.015 6	0.988 2	0.027 7	$x=[1+0.636 4 \exp(-0.431 6 t)]^{-8.070 3}$	1.443 3

注: 纹枯病拟合模型及其检验参数通过运行 Eptimulador 输出, 经检验模型都达到显著水平($P < 0.01$).

Richards 函数被引入植物病理学领域已经有近 20 年历史, 其同时被认为是拟合植病流行时间动态的通用模型^[14]. 但是由于应用该模型时需要进行复杂的参数计算, 而且还不能获得准确的结果, 所以在国内外尚无作物病害流行动态的 Richards 拟合模型的研究报道. 本研究使用我们研制的 Eptimulador 软件成功地建立了水稻纹枯病进展曲线的模拟模型. 实践证明, 使用这一软件的操作简便, 用户界面友好, 输入输出容易, 运算快捷, 与 Microsoft Word 和 Excel 的兼容性强, 计算出的拟合模型准确可靠. 另外, 在 4 种函数中, Richards 拟合模型取得最大的决定系数、最小的卡方和均方根误差值, 这说明当确定最好的形状参数(m)值时, 用 Richards 函数可以获得最优的拟合模型, 同时也清楚地证明以前“Richards 函数是植物病害流行时间动态的通用拟合模型”^[14]的论断是正确的.

作物病害严重程度一般与病原物接种体强度呈正相关, 描述这种关系的模型成为 IDD 模型(inoculum density and disease model)^[13], 根据初始接种强度并应用建立的 IDD 经验模型可以预报一定时间内的病害发生情况, 但是有关水稻纹枯病在这方面的研究还未见报道. 在本研究中采用 3 种不同的初始菌原(菌体谷壳培养物)量接种, 在一定时间之后水稻纹枯病病情差异很大, 病害相对严重度随接种量的增大而加重的趋势非常明显. 但由于所设置的处理数太少, 获得的实验数据不足以用来建立该病害的 IDD 模型, 这需要在以后做专门的探讨.

参考文献:

- [1] 彭绍裘, 曾昭瑞, 张志光. 水稻纹枯病及其防治[M]. 上海: 上海科学技术出版社, 1986: 1-10.
- [2] Roy A K. Sheath blight of rice [J]. Indian Phytopathology, 1993, 46(1): 197-205.
- [3] 何忠全, 何 彤, 毛建辉. 水稻纹枯病的危害程度、产量损失与氮、钾的关系[J]. 植物病理学报 1991, 21(4): 305-309.
- [4] Annou M M., Wailes E J, Thomsen, M. R. A Dynamic Decision Model of Technology Adoption under Uncertainty: Case of Herbicide-Resistant Rice [J]. Journal of Agricultural and Applied Economics on internet. Accessed Oct. 2006. http://www.findarticles.com/p/articles/mi_qa4051 2005.
- [5] 郑君海. 水稻纹枯病抗性遗传研究进展[J]. 辽宁农业科学 2006, 2: 69-70.
- [6] 任春梅, 高必达, 何迎春. 水稻抗纹枯病研究进展[J]. 植物保护, 2001, 27(4): 33-37.
- [7] Xu H T, Yang M, Zhou E Q. 水稻纹枯病生理学研究进展[J]. 安徽农业大学学报, 2000, 16(4): 58-63.
- [8] 李 桦, 宋成艳, 丛万彪, 等. 粳稻品种抗纹枯病性鉴定与筛选[J]. 植物保护, 2000, 26(1): 19-21.
- [9] 何 明, 何忠全, 秦 敏. 我国水稻 3 大病害综合治理研究[J]. 西南农业大学学报, 1999, 21(1): 1-6.
- [10] Campbell C L, Madden L V. Introduction to Plant Disease Epidemiology [M]. John Wiley & Sons, New York. 1990: 76-152.
- [11] Jones D J. Epidemiology of Plant Diseases [M]. Springer Publishing Company, Germany. 1998: 92-138.
- [12] Berger R D. Comparison of Gompertz and logistic equations to describe plant disease progress[J]. Phytopathology, 1981,

71(3): 716—719.

[13] 曾士迈, 杨演. 植物病害流行病学[M]. 北京: 中国农业出版社, 1986: 87—117.

[14] 谭万忠. 模拟植物病害流行时间动态的通用模型—Richards 函数[J]. 植物病理学报, 1991, 21(3): 235—240.

[15] Lancashire. Phenological growth stages and BBCH-identification keys of rice (J). Accessed May 2006. http://www.regione.piemonte.it/agri/set_fitosanit/agrometeo/fenologia/dwd/bbch/06rice.pdf. 1991.

Simulation Analysis of Seasonal Development Dynamics of Rice Sheath Blight (*Rhizoctonia solani*)

LI Cheng-wen¹, TAN Wan-zhong¹, OU Zeng-qi², ZHANG Wei³,
YIN Li-ly¹, WANG Zhi-kun¹, ZHOU Guan-jun¹

1. School of Plant Protection, Southwest University, Chongqing, 400716, China;

2. School of Mathematics, Southwest University, Chongqing, 400715, China;

3. Chongqing General Services of Agrotechnology, Chongqing, 400100, China

Abstract: A field plot experiment with three inoculum density treatments was conducted to study the development dynamics of rice sheath blight caused by *Rhizoctonia solani* (anamorph: *Thanatephorus cucumeris*). The relative disease severity (x) data of the disease were recorded at different time (t) and crop growth stages during the cropping season and three disease progress curves were produced from these data. The computer software, EpiSimulator constructed in our laboratory, was applied for simulation of the disease dynamics. Models simulated with the monomolecular, logistic, Gompertz and Richards functions were obtained by imputing the disease severity data and running EpiSimulator. The simulated models were tested for significance and compared for accuracy. Results showed that the simulativity of monomolecular model was the worst and Gompertz function was better than logistic function in describing the development curves of sheath blight. However, when the most appropriate shape parameter (m) was found and used, the use of Richards function resulted in the best simulation models of the disease with the highest determination coefficient (R), the lowest kai-square (χ^2) and the smallest root of mean standard error (RMSE). The simulated models produced for the three inoculation treatments were:

$$x = [1 + 0.1874 \exp(-0.2139t)]^{-20.5699} \pm 0.0170 \quad (m = 1.0486, R = 0.9822, \chi^2 = 0.0109),$$

$$x = [1 - 0.6903 \exp(-0.2103t)]^{3.6881} \pm 0.0198 \quad (m = 0.7289, R = 0.9885, \chi^2 = 0.0109) \text{ and}$$

$$x = [1 + 0.6364 \exp(-0.4316t)]^{-8.0703} \pm 0.0277 \quad (m = 1.4433, R = 0.9882, \chi^2 = 0.0156).$$

Key words: sheath blight of rice; seasonal dynamic of disease epidemic; simulation analysis; Richards function

责任编辑 夏娟