

花生体内多种生化因子对抗锈病性的综合作用

李 盾 王振中 林孔勋

(华南农业大学植物保护系, 广州, 510642)

摘要 利用数量化方法, 分析了花生受锈菌侵染前后体内多种生化组分的含量(活性)与品种抗病性的关系。受锈菌侵染后, 花生体内还原糖的变化与品种抗病性有较大的相关性, 游离氨基酸如苏氨酸、亮氨酸、蛋氨酸、异亮氨酸和精氨酸等, 在锈菌侵染后的某些时间内, 与抗病性相关关系较高。在健康叶片中的多酚氧化酶、苏氨酸、丝氨酸、异亮氨酸和苯丙氨酸等, 与抗病性也有较高的相关性。多因素组合对抗性相关分析表明, 在花生盛花期健康叶片中的苏氨酸、丝氨酸、异亮氨酸、苯丙氨酸、蛋氨酸和核酸与抗病性有较高的相关关系。

关键词 花生; 锈病; 抗性生理

中图分类号 S 432.23

寄主对病原物的抗性是由一系列生理生化过程决定的, 其抗病性与体内的多种生化组分有关(Cruickshank, 1980; Schlosser, 1980)。Nelson(1973)认为: 抗病性是寄主对病原物的主动的动态反应过程。因而, 单一化合物或单一机制的假说无法阐述植物抗病性的多种情况(Cruickshank, 1980)。如果要较准确地了解寄主抗病性及其与其体内多种化合物的关系, 则应该立足于多因素的分析。因此, 在同一寄主/病原物组合中, 对多种不同抗性的品种的多种生理生化指标的变化过程进行综合分析, 从而探讨多因素对抗病性的综合控制作用, 在抗性生理研究中, 显然具有重要的意义。

花生锈病(*Puccinia arachidis* Speg.)是世界上对花生生产危害较大的病害之一, 每年都造成很大的损失(王振中等, 1986; 周亮高等, 1980; Bromfield, 1971; Mallaiah et al, 1979; Mundhe et al, 1979)。在花生对锈病的抗性生理方面, 已有不少报道(Ekbote et al, 1983; Patel et al, 1986; Reddy et al, 1977; 1982)。但这些研究仅表明在锈菌侵染前后, 感病和抗病两种品种在碳水化合物、游离氨基酸和氧化酶等方面差异, 没有进一步综合分析这些差异与抗病性的关系, 因而难以估计在上述变化中, 到底哪些指标才是花生锈病的基本指标, 即哪些生理变化影响病菌的侵入和蔓延, 或者哪些因素的综合作用控制着寄主的抗病性。

花生锈病的抗性主要是由生理抗性控制的(Cook, 1972; Subrahmanyam et al, 1983)。有研究(陈春荣等, 1981; Mehta 等, 1978)表明, 花生栽培品种中只有不同程度的抗性, 很难找到能完全抗病或免疫的品种。对于这种生理抗病性简单地分析一二个品种感病前后的有关组分的变化是不够的。因而, 对不同抗性梯度的品种进行多指标的综合分析, 探讨抗性的控制机理, 对于充分利用抗性资源, 控制花生锈病的流行, 无论是在理论上或是在实践上, 都有重要的意义。

1994-11-01 收稿

1 材料与方法

1.1 数据来源

本文的数据获得方法参考作者的有关论文(李盾等,1991,1995),即利用不同抗性梯度的5个花生品种(粤油39,汕油27,粤油223,粤油551-116,粤油187-93),测定其受锈菌侵染前后的生化指标的变化过程。

1.2 数据处理方法

计算5个品种受锈菌侵染后不同时期的生化指标病/健值与品种抗病性程度(感病等级)的相关系数,分析其相关关系。对健康叶片的生化组分,则取侵染前测定数据及对照组健康叶片数据进行单因素及二、三、四因素与抗病性相关关系的综合分析,探讨多因素对抗性的共同作用。测定方法为各指标数值累加,为了消除指标数值大小对多因素分析的影响,对各指标进行标准化处理,其处理方法参照王振中等(1990)的方法进行。

2 结果与分析

2.1 单一生化指标与抗病性的关系

花生品种23个不同生化指标的病/健值与抗病性相关分析的结果表明:蛋白质、蛋氨酸、苏氨酸、过氧化物酶、还原糖、异亮氨酸、精氨酸以及亮氨酸等生化指标的病/健值与抗病性有较大的相关性($r>0.80$)。其中以蛋白质、蛋氨酸和苏氨酸的相关系数最高(表1)。

健康花生叶片中的多酚氧化酶、苏氨酸、丝氨酸、异亮氨酸和苯丙氨酸等生化指标的活性(含量)与抗诱病性有较高的相关关系,其相关系数分别为0.9257,0.8530,0.7480,0.9456和0.7462。

2.2 健康组织多指标组合与抗病性的相关性

在对侵染前或对照组健康叶片中有关指标的综合分析中发现,苏氨酸、丝氨酸、异亮氨酸、苯丙氨酸、蛋氨酸、核酸总量、DNA和RNA的有关组合与抗病性有显著或极显著的相关关系。

在侵染前的组织中,上述几个指标两因子组合与抗病性的相关系数都在0.8以上,苏氨酸+苯丙氨酸、异亮氨酸+DNA、苯丙氨酸+DNA的组合的相关系数分别为-0.9192,-0.9000,-0.9317,为极显著水平。三因子组合中,苏氨酸+异亮氨酸+DNA,苏氨酸+苯丙氨酸+DNA组合的相关系数分别为-0.9241和-0.9141。在其它两组与抗病性有显著相关关系的组合中,均有苏氨酸+DNA组合出现。在全部4845组四因子组合中,仅有7组与抗病性有显著相关关系,这些组合中均有苏氨酸+DNA组合,其中5组有苏氨酸+苯丙氨酸+DNA组合,另一组有苏氨酸+异亮氨酸+DNA组合,其中苏氨酸+苯丙氨酸+异亮氨酸+DNA组合的相关系数为-0.9158。这些结果表明,

表1 单组分病/健值与抗病性的关系

组 分	侵染时间/h	相关系数(r)
蛋白 质	12	0.9855
蛋 氨 酸	36	0.8911
苏 氨 酸	12	-0.9348
过氧化物酶	24	-0.8341
过氧化物酶	276	-0.8251
还 原 糖	12	-0.8219
还 原 糖	24	0.8164
还 原 糖	96	0.8093
异 亮 氨 酸	36	0.8495
精 氨 酸	36	0.8711
亮 氨 酸	12	0.8675

在健康叶片中,上述几种生化指标与抗病性有一定的关系。

在接种后 12 h 对应的健康叶片(对照)各生化指标与抗病性关系分析显示了相似的结果(表 2,3,4)。从表中可以看到,在二、三、四因子的分析中,上述因子的有关组合与抗病性的相关系数均达到显著或极显著水平。在其它与抗性有关的组合中,均含有上述因子的二或三因子组合。

表 2 花生健叶生化组合二因子组合与抗病性的关系

组分	相关系数(<i>r</i>)
苏氨酸 + 苯丙氨酸	-0.929 1
苏氨酸 + 蛋氨酸	-0.973 1
苏氨酸 + 丝氨酸	-0.958 3
丝氨酸 + 苯丙氨酸	-0.889 3
丝氨酸 + 蛋氨酸	-0.990 1
异亮氨酸 + 总核酸	-0.968 3
蛋氨酸 + 总核酸	-0.930 6

表 3 花生健叶生化组分三因子组合与抗病性的关系

组分	相关系数(<i>r</i>)
苏氨酸 + 丝氨酸 + 异亮氨酸	-0.964 3
苏氨酸 + 丝氨酸 + 苯丙氨酸	-0.988 2
苏氨酸 + 丝氨酸 + 蛋氨酸	-0.993 9
苏氨酸 + 丝氨酸 + DNA	-0.964 7
苏氨酸 + 异亮氨酸 + 总核酸	-0.993 1
苏氨酸 + 苯丙氨酸 + 蛋氨酸	-0.910 7
苏氨酸 + 苟丙氨酸 + 总核酸	-0.967 5
苏氨酸 + 苟丙氨酸 + RNA	-0.879 5
苏氨酸 + 蛋氨酸 + 总核酸	-0.967 5
苏氨酸 + 蛋氨酸 + DNA	-0.882 9
苏氨酸 + 蛋氨酸 + RNA	-0.887 2
苏氨酸 + RNA + DNA	-0.927 2
丝氨酸 + 异亮氨酸 + 蛋氨酸	-0.882 1
丝氨酸 + 异亮氨酸 + 总核酸	-0.987 5
丝氨酸 + 苟丙氨酸 + 蛋氨酸	-0.900 7
丝氨酸 + 蛋氨酸 + RNA	-0.897 3
异亮氨酸 + 蛋氨酸 + 总核酸	-0.937 1
蛋氨酸 + RNA + DNA	-0.936 2

表 4 花生健叶生化组分四因子组合与抗病性的关系

组分	相关系数(<i>r</i>)
苏氨酸 + 丝氨酸 + 异亮氨酸 + 苟丙氨酸	-0.928 0
苏氨酸 + 丝氨酸 + 异亮氨酸 + 蛋氨酸	-0.948 0
苏氨酸 + 丝氨酸 + 异亮氨酸 + 亮氨酸	-0.889 6
苏氨酸 + 丝氨酸 + 异亮氨酸 + 总核酸	-0.986 5
苏氨酸 + 丝氨酸 + 异亮氨酸 + DNA	-0.908 9
苏氨酸 + 丝氨酸 + 异亮氨酸 + RNA	-0.915 8
苏氨酸 + 丝氨酸 + 蛋氨酸 + 总核酸	-0.967 3
苏氨酸 + 丝氨酸 + 蛋氨酸 + DNA	-0.959 5
苏氨酸 + 丝氨酸 + 蛋氨酸 + RNA	-0.926 6
苏氨酸 + 丝氨酸 + DNA + RNA	-0.948 7
苏氨酸 + 异亮氨酸 + 蛋氨酸 + 总核酸	-0.989 1
苏氨酸 + 异亮氨酸 + 蛋氨酸 + RNA	-0.914 8
苏氨酸 + 异亮氨酸 + 苟丙氨酸 + 总核酸	-0.948 5
苏氨酸 + 异亮氨酸 + 苟丙氨酸 + RNA	-0.906 1
苏氨酸 + 异亮氨酸 + RNA + DNA	-0.927 3
苏氨酸 + 苟丙氨酸 + 蛋氨酸 + RNA	-0.970 7
苏氨酸 + 苟丙氨酸 + 蛋氨酸 + 总核酸	-0.966 8
苏氨酸 + 蛋氨酸 + DNA + RNA	-0.992 5
丝氨酸 + 异亮氨酸 + 苟丙氨酸 + RNA	-0.892 2
丝氨酸 + 异亮氨酸 + 蛋氨酸 + 总核酸	-0.990 6
丝氨酸 + 异亮氨酸 + 蛋氨酸 + RNA	-0.938 6
丝氨酸 + 异亮氨酸 + DNA + RNA	-0.956 2
丝氨酸 + 苟丙氨酸 + 蛋氨酸 + 总核酸	-0.940 8
丝氨酸 + 苟丙氨酸 + 蛋氨酸 + RNA	-0.947 2
丝氨酸 + 苟丙氨酸 + DNA + RNA	-0.895 5
丝氨酸 + 蛋氨酸 + RNA + DNA	-0.996 3

在接种后 36,276 h 的对照组织的分析中,也发现上述生化指标的有关组合与抗病性有较高的相关关系,限于篇幅,不再一一列出。

从上述的分析中可以推断,花生盛花期内健康组织中的苏氨酸、丝氨酸、异亮氨酸、苯丙氨酸、蛋氨酸、核酸含量与抗病性有较高的相关关系。可以作为综合控制花生抗锈病性的基本指标。测定这几种生化组分的含量,可以为鉴定花生抗病品种提供依据。

3 结论与讨论

锈菌侵染后,花生体内还原糖的变化与品种抗病性有较高的相关关系,在侵染后12 h蛋白质含量与抗性相关关系极显著,游离氨基酸中的苏氨酸也是如此,而蛋氨酸、异亮氨酸和精氨酸等则在侵染后36 h与抗性有较大的相关性。这些结果表明,在侵染后的特定时间内,这些物质在抗性反应中起着重要的作用。

健康叶片中的多酚氧化酶、苏氨酸、丝氨酸、异亮氨酸和苯丙氨酸等与抗病性有较高的相关关系。

寄主对病原物反应表现出来的抗性,是通过抑制病原物在其体内的存活和扩展,从而降低致病成功率和/或延长潜伏期和/或降低产孢量来实现的(Parlevliet,1979)。从流行学的意义上说,寄主抗病性可以分为侵染成功率、潜伏期、每日产孢量、传染期等表观抗性组分,每种组分均反映寄主在抵抗病原物的侵染、扩展或繁殖方面的能力,这些因素的综合作用,决定病害田间发展程度,决定品种的抗病性。本文根据这一观点,对多种生化指标进行多因素组合分析。

多因素综合分析表明,在花生盛花期的健叶中,苏氨酸、丝氨酸、异亮氨酸、苯丙氨酸、蛋氨酸和核酸的有关组分在二、三、四因子组合中与抗病性有较大的相关性,多次测定证明了相似的情况。将此结果与单因子分析结果比较,可以发现,多因素综合分析中与抗病性有较高相关关系的因子包括了单因素分析与抗病性有较稳定关系的全部因子,主要有:苏氨酸、丝氨酸、异亮氨酸和苯丙氨酸,此外还有蛋氨酸及核酸等因子。由此推论,上述这些因子可以作为综合控制花生抗锈病性的基本指标,在花生盛花期测定这几种生化组分的含量,可以为鉴定花生抗病品种提供依据。

多因素综合作用的分析,与抗病性是由多个不同抗性组分综合控制的观点是一致的。作者认为,寄主表观各抗性组分,是由其体内一种或多种生化因素控制的,因而,要真正了解生理抗性,应该基于多因素综合分析。本文的有关分析表明,某些组合与抗病性相关系数普遍高于单因子的相关系数,体现了多因素综合分析在抗性分析中的意义,值得进一步探讨。

必须指出,各表观抗性组分对病害流行的影响,是通过较长时间的相互作用决定的,而不是各组分的简单累加。本文中的分析仅考虑各因素作用的累加方式。这可能是不同时间的指标综合分析结果不尽一致的原因之一。

参 考 文 献

- 王振中,林孔勋.1986.花生锈病流行曲线分析.植物病理学报,16(1): 11~16
王振中,林孔勋,范怀忠.1990.小白菜花叶病流行及其介体种群时空动态的模糊聚类分析.华南农业大学学报,11(2): 99~106
李 盾,王振中,林孔勋.1991.花生体内几种酶的活性及其与抗锈病性的关系.华南农业大学学报,12(3):1~6

- 李盾,王振中,林孔勋.1995.锈菌侵染后花生体内主要生化指标的变化及其与抗性的关系.华南农业大学学报,16(1):68~75
- 陈春荣,段乃雄,李文溶,等.1981.花生品种资源锈病抗性测定.中国油料,7(1):48~50
- 周亮高,霍超斌,刘景梅,等.1980.广东省花生锈病的研究.植物保护学报,7(2):67~73
- Bromfield K R. 1971. Peanut rust:a preview of literature. J American Peanut Research and Education Association Inc, 3(1):111~121
- Cook M. 1972. Screening of peanut for resistance to peanut rust in the greenhouse and field. PL Dis Rept, 56(5):382~386
- Cruickshank I A M. 1980. Defenses triggered by the invader: chemical defenses. In: Horsfall J G, Cowling E B, eds. Plant Disease: Vol 5. New York: Academic Press, 247~267
- Ekbote A U, Mayee C D. 1983. Biochemical changes in rust(*Puccinia arachidis*) resistant and susceptible varieties of groundnut after incubation. Indian Phytopathology, 36(1):194
- Mallaiah K V, Rao A S. 1979. Groundnut rust: factors influencing disease development, sporulation and germination of urediospores. Indian Phytopathology, 32:382~388
- Mehta P P, Mandal K K. 1978. Field screening of groundnut cultures against rust and tikka. Indian Phytopathology, 31(2):259~260
- Mundhe P N, Mayee C D. 1979. Effect of temperature on incubation period of three isolates of *Puccinia arachidis*. Research Bulletin of Marathwada Agricultural University, 3:62
- Nelson R R. 1973. Breeding plant for disease resistance: concepts and applications. Pennsylvania: Pa State Univ Press, 401
- Parlevliet J E. 1979. Components of resistance that reduce the rate of epidemic development. Ann Rev Phytopathol, 17:203~222
- Patel V A, Vainshnav M U. 1986. Biochemical change in rust infected leaves of groundnut. Indian J Mycol and Pl Pathol, 16:305~306
- Reddy M N, Rao A S. 1977. Changes in the composition of free and protein amino acids in groundnut leaves induced by infection with *Puccinia arachidis* Speg. Acta Phytopathologica Academiae Scientiarum Hungaricae, 11:167~172
- Reddy M N, Gopal G R. 1982. Changes in organic acids and sugars in the rustinfected groundnut leaves. Indian Phytopathology, 35:728~730
- Schlosser E W. 1980. Preformed internal chemical defenses. In: Horsfall J G, Cowling E B, eds. Plant Disease: Vol 5. New York: Academic Press, 161~177
- Subrahmanyam P, McDonald D, Subba Rao P V. 1983. Influence of host genotype on urediospore production and germinability in *Puccinia arachidis*. Phytopathology, 73: 726~729

INFLUENCE OF MULTIPLE BIOCHEMICAL COMPOUNDS ON RESISTANCE OF PEANUT PLANT TO RUST

Li Dun Wang Zhenzhong Lin Kongxun*

(Dept. of Plant Protection, South China Agr. Univ., Guangzhou, 510642)

Abstract

Based on experiments of biochemical changes in peanut plants (*Arachis hypogaea*) before and after rust (*Puccinia arachidis*) infection, the relationships between multiple biochemical compounds and rust resistance was analyzed by using quantitative correlation method. After rust infection, changes of inducing sugars in peanut plants are highly correlated to disease resistance. Some free amino acids, such as serine, leucine, methionine, isoleucine and arginine, are correlated to rust resistance at certain periods after infection. In healthy peanut plants, the activity of polyphenol oxidase, the amounts of threonine, serine, isoleucine and phenylalanine were highly correlated to disease resistance.

Key words *Puccinia arachidis*; *Arachis hypogaea*; disease resistance; biochemical compounds

*Lin Kung-hsun