

河北平原小麦赤霉病发病特征及致病菌种群结构研究

石怡彤¹, 刘豆豆¹, 李浩宇¹, 李沐阳¹, 甄文超^{2*}, 尹宝重^{1*}

(1. 河北农业大学植物保护学院, 河北 保定 071001; 2. 河北农业大学农学院, 河北 保定 071001)

摘要:为明确河北平原小麦赤霉病发病特征及致病菌种群结构,本研究首先分析邯郸、邢台、石家庄、衡水、沧州、保定、廊坊、唐山、秦皇岛等9市2000~2017年小麦赤霉病发病情况,结果表明:冀南麦区(邢台和邯郸)发病面积较小,冀中麦区的衡水和石家庄发病中等,沧州和保定较小,但该4地赤霉病发生面积有加重;冀中北(廊坊)及冀东地区(秦皇岛和唐山)仅个别年份有发生,整体发病面积很小。基于对河北平原各地小麦赤霉病发生情况的分析,于2017~2018年小麦季,对赤霉病发病面积较大的冀中南地区,选择辛集、深州、大名等15个典型县(市、区),采集赤霉病发病严重地块的感病麦穗,通过组织分离法,分离获得1 092株小麦赤霉病致病菌株,进一步对分离获得菌株进行形态学和分子生物学鉴定。结果表明:冀中南地区小麦赤霉病的主要致病菌为禾谷镰刀菌和黄色镰刀菌,其分离频率分别为72.8%和27.2%;不同致病菌在不同区域分离频率差异较大,冀中除高碑店外,其他地区禾谷镰刀菌分离频率均低于80%;新河以南的冀南地区则普遍高于80%,本研究将为该区小麦赤霉病绿色高效防控技术体系的构建提供理论依据。

关键词:小麦;赤霉病;发病面积;致病菌;种群结构

中图分类号:S432.1

文献标识码:A

文章编号:2096-5877(2022)03-0117-06

Characteristics of Wheat Scab Incidence and Population Structure of Pathogenic Bacteria in Hebei Plain

SHI Yitong¹, LIU Doudou¹, LI Haoyu¹, LI Muyang¹, ZHEN Wenchao^{2*}, YIN Baozhong^{1*}

(1. College of Plant Protection, Hebei Agricultural University, Baoding 071001; 2. College of Agronomy, Hebei Agricultural University, Baoding 071001, China)

Abstract: In order to clarify the characteristics of wheat scab and the population structure of the pathogens in Hebei Plain, this study first analyzed the incidence of wheat scab in nine cities in 2000–2017, including Handan, Xingtai, Shijiazhuang, Hengshui, Cangzhou, Baoding, Langfang, Tangshan and Qinhuangdao. The results showed that the incidence area of scab was larger in the south of Hebei Province (Xingtai and Handan), moderate in Hengshui and Shijiazhuang, and small in Cangzhou and Baoding, but the incidence area of scab was increased in the four regions, while only in a few years in the north of Hebei Province (Langfang) and the east of Hebei Province (Qinhuangdao and Tangshan), the overall incidence area was very small. Based on the analysis of the occurrence of wheat scab in Hebei Plain, in the wheat season of 2017–2018, 15 typical counties (cities and districts) such as Xinji, Shenzhou and Daming were selected to collect the susceptible wheat ears of the plots with serious scab, and total 1,092 strains of wheat scab pathogenic strains were isolated and further analyzed by tissue separation method. The results showed that the main pathogens of wheat scab were *Fusarium graminearum* and *Fusarium culmorum*, with the isolation frequency of 72.8% and 27.2% respectively; the isolation frequency of different pathogens in different regions was quite different, except for Gaobeidian, the isolation frequency of *Fusarium graminearum* in other regions was lower than 80%; but in South of Xinhe, the isolation frequency of *Fusarium graminearum* was generally higher than 80%.

收稿日期:2020-04-17

基金项目:河北省现代农业产业技术体系小麦创新团队项目(HBCT2018010205);河北省省属高等学校基本业务费(KY2021062);河北省大中学生科技创新能力培育专项(2021H060515)

作者简介:石怡彤(1999-),女,在读硕士,主要从事植病生态学研究。

通讯作者:甄文超,男,博士,教授,E-mail: wenchao@hebau.edu.cn

尹宝重,男,硕士,副教授,E-mail: yinbaozhong@hebau.edu.cn

It will provide theoretical basis for the construction of green and efficient control technology system of wheat scab in this area.

Key words: Wheat; Scab; Disease area; Pathogen; Population structure

赤霉病是一种在全球小麦种植中广泛发生的真菌病害,对产量和品质均有显著影响。小麦赤霉病一般可造成减产10%~30%,严重时达70%~80%,甚至绝收^[1]。小麦赤霉病还可产生脱氧雪腐镰刀菌烯醇(DON)、玉米赤霉酮(ZEA)等真菌毒素,危害人畜健康^[2-4]。赤霉病是一种由多种镰刀菌复合侵染引起的病害^[5-6],经鉴定的病原菌至少有27个镰刀菌或变种^[7],小麦赤霉病致病菌在不同区域差异较大。冷凉地区的致病菌多为梨孢镰刀菌、黄色镰刀菌和雪腐镰刀菌三种^[8-10];较为潮湿温暖的地区以禾谷镰刀菌、黄色镰刀菌和燕麦镰刀菌为优势菌种,另外分离出的还有木贼镰刀菌、串珠镰刀菌、胶孢镰刀菌等十余种镰刀菌^[2,11]。

小麦赤霉病不同致病菌菌种致病力有明显差异,长江流域禾谷镰刀菌菌株致病力均较强^[12];禾谷镰刀菌可诱发小麦赤霉病,不同来源菌株致病力差异显著^[13]。因此,对小麦赤霉病进行分离鉴定,进一步明确该病的种群结构,对提高该区小麦赤霉病防控效果,实现化学药剂减量具有重要意义。我国作为世界上小麦主要种植国家之一,小麦赤霉病的传统发生区域主要集中在稻麦两熟区。随着气候变化、耕作制度改变以及大规模机械化跨区作业,使得赤霉病发生区域出现明显的“北移东扩”,并已成为河北平原小麦主要病害之一^[14-16]。尤其近年来,河北平原小麦赤霉病发生面积、产量损失均有加重趋势^[17-18]。本研究首先对河北平原不同地区小麦赤霉病发生面积进行分析,进一步对中南部麦区典型的15个县(市、区)发病严重地块采集小麦赤霉病病株进行分离鉴定,明确河北平原小麦赤霉病种群组成及优势致病种,对新型药剂的研发和绿色防控技术体系的构建提供技术参考。

1 材料与方法

1.1 小麦赤霉病发生特征分析

各地区发病面积数据来源于河北省植保植检总站;各地区小麦种植面积数据来源于各地统计年鉴。

1.2 小麦赤霉病致病菌种群结构分析

1.2.1 供试材料

感病小麦赤霉病病穗主要来源于平原辛集(冀麦585)、深州(衡4399)、枣强(婴泊700)、大名

(邯麦13)、新河(邢麦7号)等县(市)小麦-玉米两熟轮作且多年赤霉病发生严重地块。

1.2.2 小麦赤霉病菌的分离与纯化

选择典型的单个病斑,用解剖刀切取小块病组织数块备用;将已经融化的马铃薯葡萄糖琼脂(PDA)培养基加入1 mL链霉素,摇匀倒板;感病组织放入70%乙醇浸泡5 s;置于0.1%升汞消毒40 s,无菌水冲洗5遍;将感病组织于无菌滤纸上吸干,移至含农用链霉素选择性培养基平板上培养,每皿放3块以上感病组织材料,病斑朝下,倒置培养。将培养皿置于25℃恒温培养箱内黑暗培养,培养3~4 d后观察待分离菌的生长情况。每地分离培养10皿,每皿接种4块。选取长出较纯菌丝发病组织块后,无菌条件下进行单菌丝顶端分离,纯化后转入PDA平板培养基上,于25℃恒温培养箱内黑暗培养。

1.2.3 菌株DNA提取

在马铃薯培养基(PDA)生长的菌落边缘挑取0.1 g菌丝放入有小钢球的离心管中,液氮速冻用研样机研磨成粉末状,之后采用CTAB法提取DNA^[19]。DNA经1%琼脂凝胶电泳分析鉴定并拍照。同时用分光光度计测定其浓度和质量,随即于-20℃保存。

1.2.4 病原菌形态学和分子生物学鉴定

(1)病原菌形态学鉴定:根据培养7 d的各种培养物在PDA上的菌落形态、色素颜色和通过分生孢子悬浮液看到的孢子类型、孢子形态和大小进行病原鉴定^[20]。

(2)病原菌分子生物学鉴定:赤霉病菌株的分子生物学鉴定方法参考Yang等^[21]的方法。将取得并分离的菌株用真菌基因序列的通用引物ITS1和ITS4进行PCR扩增,其中ITS1序列为5'-TCCGTAGGTGAACCTGCGG-3',ITS4碱基序列为5'-TCCTCCGCTTATTGATATGC-3'(由生工公司合成)。PCR扩增反应体系试剂为50 μL总体积。将离心管中的溶液混合均匀,放入离心机使壁液流至管底。之后置于PCR扩增仪上进行反应,参数如下:95℃预变性5 min,95℃变性30 s,58℃退火30 s,72℃延伸1 min,72℃延伸7 min,35次循环。上述步骤都完成后进行电泳检测,3 μL的PCR产物进行1%琼脂糖凝胶电泳检测,以此确认片段结果。

1.3 数据处理方法

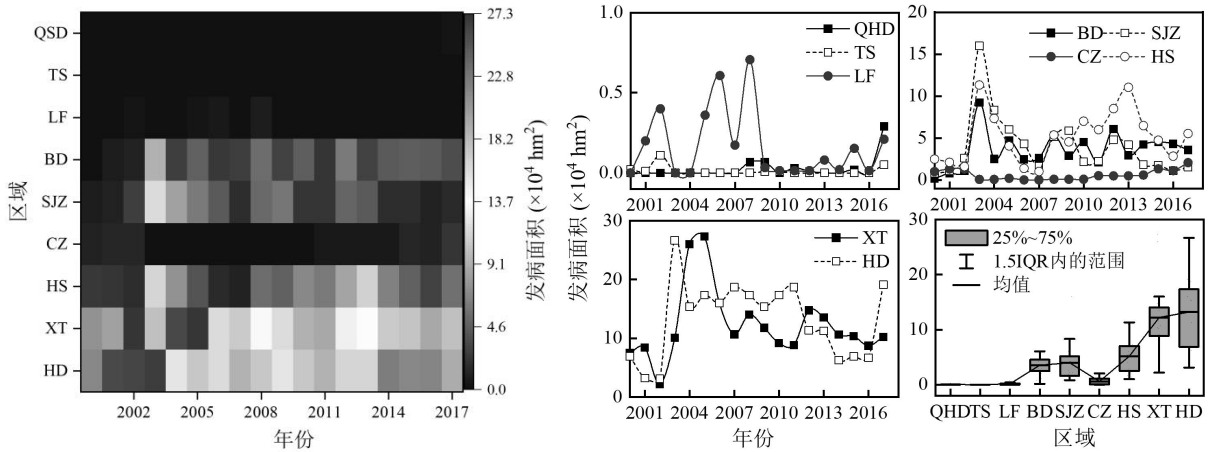
采用SPSS 20.0进行数据统计和分析,多重比较采用LSD法,采用Origin 2017制图。

2 结果与分析

2.1 河北平原不同地区小麦赤霉病发生特征分析

由图1可知,河北平原不同地区小麦赤霉病发生呈逐渐北扩趋势,以廊坊、秦皇岛和唐山为代表的冀中北及冀东地区赤霉病发生较轻;秦皇岛地区仅有2008年、2009年、2015年和2017年有

零星发生,年均 0.11 hm^2 ;唐山地区也仅有2000~2002年、2009、2010、2017年有零星发生,发病面积小于秦皇岛;廊坊地区小麦赤霉病从2005年开始发生,2005年以后虽然每年均有发生,但发生面积相对较小,平均发生面积为 $0.18 \times 10^4 \text{ hm}^2$ 。保定、石家庄、衡水和沧州发生面积开始增大,年均发生面积分别为 3.55×10^4 、 3.97×10^4 、 0.60×10^4 、 $5.19 \times 10^4 \text{ hm}^2$ 。冀南麦区邢台、邯郸发病最为严重,平均发病面积分别高达 12.23×10^4 、 $13.19 \times 10^4 \text{ hm}^2$,且近5年增加趋势较为明显。由此可看出,河



注:QHD、TS、LF、BD、SJZ、CZ、HS、XT和HD分别代表秦皇岛、唐山、廊坊、保定、石家庄、沧州、衡水、邢台和邯郸等地区

图1 不同年份和区域河北平原小麦赤霉病发生特征

北省小麦赤霉病发生整体表现为中南部区域重于东北部,年际间发生面积变幅较大,但南部区域作为主要发生区域,近5年有明显加重趋势。

2.2 河北平原不同地区小麦赤霉病的病原组成

由表1可知,在2018年的调查中从河北平原各地生态区共分离出1 092株菌株。其中禾谷镰刀菌共分离出795株,黄色镰刀菌297株,且

以禾谷镰刀菌分离频率的72.8%,黄色镰刀菌占总分离频率的27.2%;不同区域两种致病菌分离频率差异较大,其中,南部的邯郸和邢台禾谷镰刀菌分离频率显著高于黄色镰刀菌,平均高64.9个百分点;而中部的石家庄、衡水、保定和沧州则相反,除个别样点外,黄色镰刀菌的分离频率均高于南部区域,平均高18.6个百分点。

表1 河北平原不同地区小麦赤霉病致病菌分离频率

地点	菌株数 (株)	禾谷镰刀菌		黄色镰刀菌		地点	菌株数 (株)	禾谷镰刀菌		黄色镰刀菌	
		菌株数 (株)	分离频率 (%)	菌株数 (株)	分离频率 (%)			菌株数 (株)	分离频率 (%)	菌株数 (株)	分离频率 (%)
武安	77	63	81.8	14	18.2	深泽	43	32	74.4	11	25.6
曲周	42	35	83.3	7	16.7	青县	56	34	60.7	22	39.3
肥乡	168	141	83.9	27	16.1	泊头	61	35	57.4	26	42.6
大名	47	40	85.1	7	14.9	深州	85	46	54.1	39	45.9
新河	96	83	86.5	13	13.5	枣强	65	12	18.5	53	81.5
广宗	71	55	77.5	16	22.5	高碑店	32	32	100.0	0	0.0
宁晋	62	49	79.0	13	21.0	清苑	49	35	71.4	14	28.6
辛集	138	103	74.6	35	25.4	合计	1 092	795	72.8	297	27.2

2.3 河北平原不同地区小麦赤霉病优势病原菌的培养性状及鉴定

禾谷镰刀菌在PDA培养基上产生白色至黄色的生长较密的棉絮状气生菌丝,有时中央生长有黄色菌丝区,PDA的基质背面现出洋红色或玫瑰红。并且在25℃生化培养箱培养时生长速度快,基本是2.13 cm/d。绿豆汤培养液中所培养出的禾谷镰刀菌(*Fusarium graminearum*)的分生孢子基本上都是大型分生孢子而很少有小型分生孢子,一般情况下大型分生孢子为镰刀形,通常具有2~7个隔膜,多数有3~5个隔膜,顶端钝圆,基部足细胞很明显,单个分生孢子是无颜色的。

黄色镰刀菌(*Fusarium culmorum*)在PDA培养基产生絮状菌丝,菌落中间有淡黄色且明显,边缘菌丝白色到粉色,后期随着PDA培养基生长时间的延长,会产生玫瑰红到暗红色色素。并且在25℃生化培养箱中生长7 d,当菌丝长到培养皿2/3时测量菌丝长度,其速度基本是1.81 cm/d。绿豆汤培养液中培养出黄色镰刀菌的分生孢子产生大型分生孢子粗且短,顶细胞形状钝圆,而基部的足细胞表现不明显,与禾谷镰刀菌相似的是通常不产生小型分生孢子。

2.4 河北平原不同地区小麦致病菌分子生物学鉴定

如图2所示,基于前期在河北平原不同地区取得并分离的菌株形态学鉴定进一步进行分子PCR扩增,测序所得出的结果与形态学鉴定结果一致。河北平原小麦发生赤霉病的病菌主要是镰

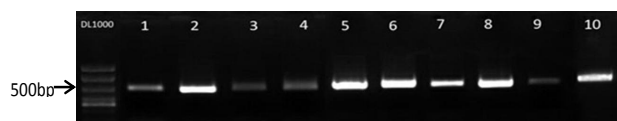


图2 ITS特异性引物扩增样本基因组PCR产物的电泳检测

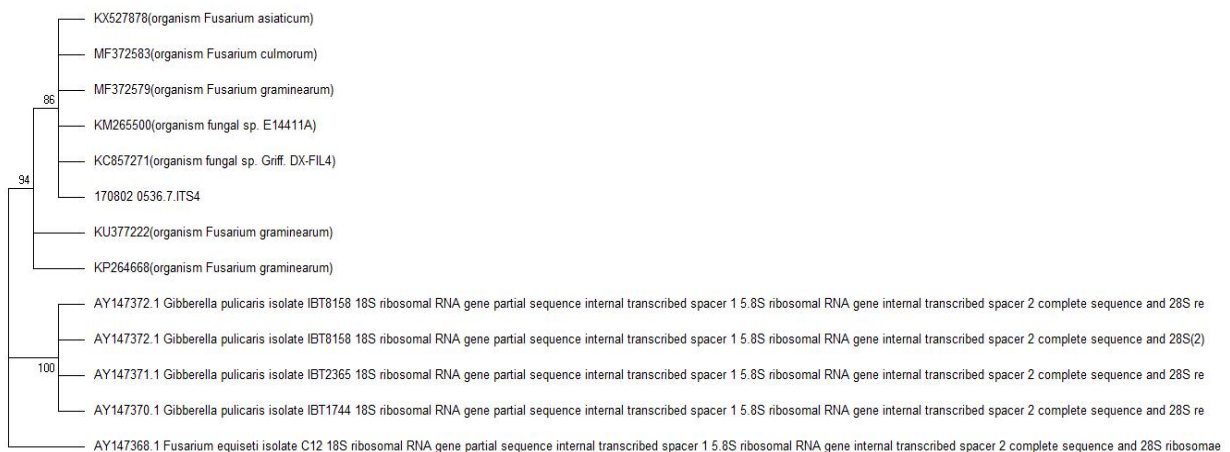


图4 基于rDNA-ITS序列构建的0536代表菌株的系统发育树

刀菌属,其中以禾谷镰刀菌为主,黄色镰刀菌次之。利用真菌通用引物ITS1和ITS4对分离出的禾谷镰刀菌和黄色镰刀菌提取的总DNA进行扩增。结果表明,其扩增片段为550 bp左右,与预测片段长度相符。

随机选取镰刀菌的8个菌株,编号分别为0530、0531、0532、0533、0534、0535、0536、0537,送往上海生工公司进行序列测定。结果表明,菌株0530、0532、0533、0534、0535的基因序列相同,其长度为546 bp,菌株0536、0537和0531的基因序列也完全一致,片段长度为552 bp。将本研究中测定的ITS序列与GenBank中已报道的玉蜀黍赤霉病不同种病菌的ITS序列进行多序列比对,鉴定其所属种群。确定以编号0530为代表的一类菌株与登录号为AY260958在自举值99%相聚一群(图3),以编号0536为代表的一类菌株与登录

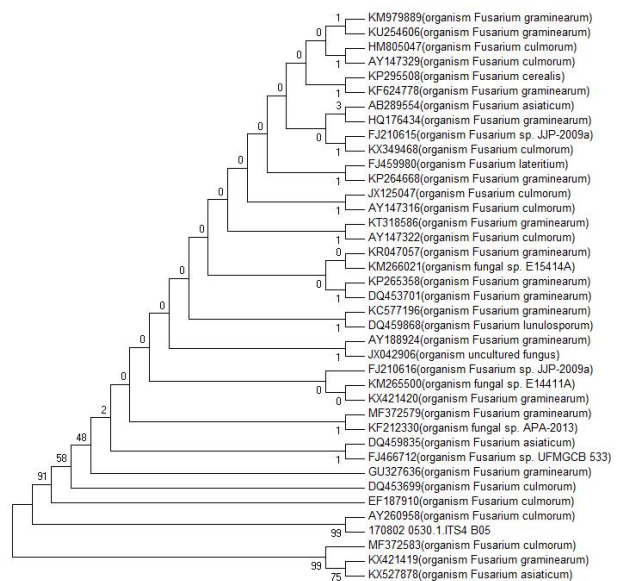


图3 基于rDNA-ITS序列构建的0530代表菌株的系统发育树

号 MF372579 在自举值 86% 聚为一群,并且用 MEGA.51 构建系统发育树(图4)。

3 讨论与结论

小麦赤霉病是一种典型的气候型病害,其发生、发展与气象条件关系密切。近年来,在整体气候变暖背景下,加之新型耕作制度的大面积推广、品种抗性不足等因素作用,导致我国各区域小麦赤霉病虽然在年际之间有所差异,但整体有加重趋势。张雪娇等^[16]研究表明河北平原赤霉病发病面积正逐年扩大,彭红等^[22]报道自2000年以来河南省赤霉病发病面积增加,至2018年平均病田率53.0%,最高100%。由此可见,赤霉病的发生率已经在我国不同麦区不断提高。本研究表明,近年来河北平原尤其是中南部地区小麦赤霉病发生面积有明显增大趋势,这与国内其他区域报道的赤霉病发生变化规律相似。但由于小麦赤霉病发生受很多因素影响,未来还需进一步对现阶段赤霉病发生加重趋势形成的原因做进一步深入分析。

小麦赤霉病病原菌种类有很多,1984年在全国范围内进行检测和鉴定,最终发现18个镰刀菌^[23]。许苗等^[24]于江苏省中部地区发现亚细亚镰刀菌为该省份的优势种,检出率达100%,其次是藤仓镰刀菌和禾谷镰刀菌,检出率分别为10%和6%;高先悦等^[2]在山东发现2014年前未在山东出现过的亚细亚镰刀菌;潘晓静等^[25]在东北地区研究发现禾谷镰刀菌为优势种,分离频率达64.41%,藤仓镰刀菌为次优势种,分离频率为18.64%;徐飞等^[7]于2007~2014年对河南省调查发现禾谷镰刀菌为优势种,分离频率为97%。充分说明不同地区致病菌存在一定差异的影响。同时一直认为小麦赤霉病优势种的禾谷镰刀菌,在宁夏、青海等气候冷凉的西北地区的优势不如温暖地区明显,这与国外的报道一致,荷兰所发现的黄色镰刀菌是主要致病菌,其次为禾谷镰刀菌^[26]。因此,赤霉病的致病菌与种群结构分布受气温条件的影响。但是Zhang等^[27]和Ji等^[28]的研究发现除温度因素外还受到耕作制度的影响。因此,从河北平原不同位置区域均选取代表地进行调查才能说明小麦赤霉病菌菌株种类和分布情况。

本研究从河北平原15个小麦主要种植县(市、区)发病严重地块共分离出1092株菌株,进一步通过形态学和分子生物学鉴定表明,所分离菌株均为禾谷镰刀菌与黄色镰刀菌;其中,禾谷镰刀菌分离频率为72.8%,黄色镰刀菌为27.2%。

本研究所分离鉴定的优势菌种,与东北地区、河南省一致,均为禾谷镰刀菌,与江苏省、宁夏、青海等地不同。另外,不同区域优势菌种分离频率也有较大差异,本研究分离的优势菌种-禾谷镰刀菌分离频率明显高于东北地区,与河南省相比较低。总体看,不同区域小麦赤霉病优势致病菌种、分离频率均存在差异,且与栽培条件等因素变化也有密切关系。本研究还将针对不同致病菌种的致病力、产毒类型开展深入研究,为河北平原小麦赤霉病绿色防控技术体系的构建提供技术参考。

参考文献:

- [1] 张立娇,张卫霞.小麦赤霉病发生概况及绿色防控技术[J].河北农业,2019(2):35-36.
- [2] 高先悦,高淑敏,刘少杰,等.山东省小麦赤霉病菌的种群组成及毒素化学型分析[J].华北农学报,2017,32(S1):37-42.
- [3] 马红霞,孙华,郭宁,等.禾谷镰孢复合种毒素化学型极遗传多样性分析[J].中国农业科学,2018,51(1):82-95
- [4] Wang J H, Ndoye M, Zhang J B, et al. Population Structure and Genetic Diversity of the *Fusarium graminearum* Species Complex[J]. Toxins(Basel)2011, 3(8): 1020-1037.
- [5] Bai G H, Shaner G. Management and Resistance in Wheat and Barley to Fusarium Head Blight[J]. Annu Rev Phytopathol, 2004, 42: 135-161.
- [6] Goswami R S, Kistler H C. Heading for disaster: *Fusarium graminearum* on cereal crops[J]. Mol Pathol, 2004, 5(6): 515-525.
- [7] 徐飞,杨共强,王俊美,等.河南省小麦赤霉病菌种群组成及致病力分化[J].植物病理学报,2016,46(3):294-303.
- [8] 史建荣,刘馨,仇剑波,等.小麦中镰刀菌毒素脱氧雪腐镰刀菌烯醇污染现状与防控研究进展[J].中国农业科学,2014,47(18):3641-3654.
- [9] 纪莉景.中国不同生态地区禾谷镰刀菌种群分化及遗传多样性分析[D].保定:河北农业大学,2007.
- [10] 史文琦,杨立军,冯洁,等.小麦赤霉病流行区镰刀菌致病种及毒素化学型分析[J].植物病理学报,2011,41(5):486-494.
- [11] 李洪奎,宫瑞杰,曹虎春,等.小麦茎基腐病的发生与防治[J].植物医生,2019,32(5):45-48.
- [12] 李伟,胡迎春,陈莹,等.长江流域禾谷镰孢菌群部分菌株系统发育学、产毒素化学型及致病力研究[J].菌物学报,2010,29(1):51-58.
- [13] 张志博,高增贵,张小飞,等.分离自小麦赤霉病和玉米茎基腐病的禾谷镰孢菌的致病性研究[J].辽宁农业科学,2010(6):1-4.
- [14] 徐婷婷,王永军,狄佳春,等.小麦抗赤霉病鉴定及其抗病基因的检测[J].麦类作物学报,2019,39(11):1-8.
- [15] M H X, Yao J, Zhou M P, et al. Molecular breeding for wheat fusarium head blight resistance in China[J]. Cereal Research Communications, 2008, 36(Supplement 6): 203-212.
- [16] 张雪娇,石晶晶,常娜,等.河北省冬小麦赤霉病拮抗细

- 菌的分离与鉴定[J].作物杂志,2017(2):157-162.
- [17] Stephen N W, Stephen B P, John H N, et al. Management of *Fusarium* head blight wheat and barley[J]. Crop Protection, 2015, 73: 100-107.
- [18] 黄冲,姜玉英,吴佳文,等.2018年我国小麦赤霉病重发特点及原因分析[J].植物保护,2019,45(2):160-163.
- [19] 张洪滨,柳金伟,刘秉江,等.山东省小麦赤霉病菌种群组成及其致病力分化[J].植物保护学报,2013,40(1):27-32.
- [20] Wang Y, Liu W, Hou Z, et al. A Novel Transcriptional Factor Important for Pathogenesis and Ascosporeogenesis in *Fusarium graminearum*[J]. Molecular Plant-Microbe Interactions, 2011, 24(1):118-128.
- [21] Yang L, Lee T V D, Yang X, et al. *Fusarium* Populations on Chinese Barley Show a Dramatic Gradient in Mycotoxin Profiles[J]. Phytopathology, 2008, 98(6): 719-727.
- [22] 彭红,吕国强,程家合,等.2018年河南省小麦赤霉病重发特点及原因分析[J].中国植保导刊,2018,38(8):67-70.
- [23] Dong F, Qiu J B, Xu J H, et al. Effect of environmental factors on *Fusarium* population and associated trichothecenes in wheat grain grown in Jiangsu province, China[J]. International Journal of Food Microbiology, 2016, 230: 58-63.
- [24] 许苗,冯慧,王淑琛,等.基于环介导等温扩增技术检测江苏省中部地区小麦赤霉病菌的种群组成[J].麦类作物学报,2018,38(4):498-504.
- [25] 潘晓静,陈楠,姚远,等.东北地区小麦赤霉病镰孢菌种群及其致病性测定[J].华北农学报,2015,30(3):205-210.
- [26] 纪莉景.河北省中南部地区小麦赤霉病发生调查及品种抗性和防治研究[D].保定:河北农业大学,2004.
- [27] Zhang H, Van der Lee Theo, Waalwijk Cees, et al. Population Analysis of the *Fusarium graminearum* Species Complex from Wheat in China Show a Shift to More Aggressive Isolates[J]. Plos One, 2012, 7(2): e31722.
- [28] Ji L, Cao K, Hu T, et al. Determination of Deoxynivalenol and Nivalenol Chemotypes of *Fusarium graminearum* Isolates from China by PCR Assay[J]. Journal of Phytopathology, 2007, 155(7-8): 505-512.

(责任编辑:王昱)

(上接第102页)稳定阶段、脱盐阶段等^[20-21]。对此,海稻86在盐、碱土中土壤养分吸收特征及其对盐、碱土壤“植物修复”效果尚需进一步在盐碱地实地进行验证。

参考文献:

- [1] 张翼夫,李问盈,胡红,等.盐碱地改良研究现状及展望[J].江苏农业科学,2017,45(18):7-10.
- [2] 汪顺义,冯浩杰,王克英,等.盐碱地土壤微生物生态特性研究进展[J].土壤通报,2019,50(1):233-239.
- [3] Setter T L, Waters I, Stefanova K, et al. Salt tolerance, date of flowering and rain affect the productivity of wheat and barley on rainfed saline land[J]. Field Crops Research, 2016, 194:31-42.
- [4] 温延臣,孔少华,赵同凯,等.黄河三角洲盐碱地区耐盐牧草与经济作物筛选[J].山东农业科学,2019,51(5):42-46.
- [5] 宋广树,朱秀侠,孙蕾,等.水稻品种长白9号的耐盐碱机理分析[J].东北农业科学,2016,41(2):5-8.
- [6] 张磊,侯云鹏,王立春.盐碱胁迫对植物的影响及提高植物耐盐碱性的方法[J].东北农业科学,2018,43(4):11-16.
- [7] 韩浩章,张丽华,王晓立,等.盐碱胁迫对樟幼苗养分吸收的影响[J].河南农业科学,2018,47(3):116-120,127.
- [8] 汤俊芳,李志洪,徐明海.不同改良物质对苏打盐碱土的改良效果[J].吉林农业大学学报,2020,42(2):161-166.
- [9] 边荣荣,黄永飞,李惠军,等.不同改良剂对干旱区盐碱地改良效果研究进展[J].农业科学研究,2017,38(3):69-75.
- [10] M, Qadir, A D, et al. Driving forces for sodium removal during phytoremediation of calcareous sodic and saline - sodic soils: a review[J]. Soil Use and Management, 2005, 21:173-180.
- [11] 王巍巍,魏春雁,张之鑫,等.不同种稻年限盐碱地水田表层土壤酶活性变化及其与土壤养分关系[J].东北农业科学,2016,41(4):43-48.
- [12] 丁海荣,洪立州,王茂文,等.星星草耐盐生理机制及改良盐碱土壤研究进展[J].安徽农学通报,2007,13(16):58-59.
- [13] 李从娟,孙永强,范敬龙,等.盐地碱蓬在高盐碱土环境中的生态学意义[J].干旱区研究,2015,32(6):1160-1166.
- [14] Akhter J, Mahmood K, Malik K A, et al. Amelioration of a saline sodic soil through cultivation of a salt-tolerant grass *Leptochloa fusca*[J]. Environmental Conservation, 2003, 30(2): 26-35.
- [15] 鲍士旦.土壤农化分析(第三版)[M].北京:中国农业出版社,2000:30-179.
- [16] 朱新开,周正权,胡宏,等.土壤氮素与小麦产量和品质关系及在施氮推荐中的应用[J].天津农学院学报,2002,29(1):13-17.
- [17] 王秋菊,张玉龙,赵宏亮,等.黑龙江省不同类型土壤养分差异及对水稻养分吸收与分配的影响[J].作物杂志,2011(5):16-21.
- [18] 冯固,杨茂秋,白灯莎.盐胁迫下VA菌根真菌对无芒雀麦体内矿质元素含量及组成的影响[J].草业学报,1998,7(3):22-29.
- [19] 黄有总,张国平.大麦耐盐机理与化控增强耐盐性的研究进展[J].大麦科学,2003(2):29-32.
- [20] 李海英,彭红春,牛东玲,等.生物措施对柴达木盆地弃耕盐碱地效应分析[J].草地学报,2002,11(1):63-68.
- [21] 崔士友,张蛟,翟彩娇,等.江苏滨海轻度盐土盐分动态及其与主要气象要素的关系-以江苏如东垦区为例[J].扬州大学学报(农业与生命科学版),2018,39(4):100-105.

(责任编辑:王昱)