

洋葱根腐病在育苗初期的空间分布型及抽样技术

李 平

(武威市农业技术推广中心, 甘肃 武威 733000)

摘要: 采用空间分布型检验、聚集强度指标检验和线形回归方法研究了洋葱生长初期洋葱根腐病在育苗田间的分布规律及其抽样技术。结果表明: 洋葱 2~3 叶 1 心期洋葱根腐病株的空间分布型呈聚集分布, 聚集分布受栽培环境的影响较大。建立了洋葱育苗初期洋葱根腐病株的最适抽样模型。

关键词: 洋葱; 根腐病; 空间分布型; 理论抽样模型

中图分类号: S436.33 **文献标志码:** A **文章编号:** 1001-1463(2021)05-0026-04

doi: 10.3969/j.issn.1001-1463.2021.05.007

甘肃河西灌区是北方洋葱主要的育苗和栽培区之一^[1], 洋葱产业是区域特色产业之一^[2-3]。近年来, 在金武地区洋葱生产中调查发现, 洋葱根腐病成了甘肃洋葱产业最大的制约因素, 是亟待解决的难题之一。目前洋葱根腐病田间预测预报技术鲜有报道, 尤其是对洋葱育苗初期田间根腐病分布规律的

研究较少^[4-6]。为进一步提高洋葱根腐病的预测预报与控制水平, 武威市农业技术推广中心科技人员调查研究了洋葱根腐病在育苗田间的分布规律及其抽样方法, 现报道如下。

1 材料与方法

1.1 调查地点和方法

调查地点为甘肃省武威市凉州区吴家井

收稿日期: 2021-02-18

作者简介: 李 平(1983—), 男, 陕西西安人, 农艺师, 硕士, 主要从事植物保护的研究和推广工作。Email: 274620558@qq.com。

将品种不作为主要影响因素考虑。

参考文献:

- [1] 李振岐, 王美楠, 贾明贵, 等. 陇南小麦条锈病的流行规律及其控制策略研究[J]. 西北农业大学学报, 1997, 25(2): 1-6.
- [2] 王吉庆, 陆家兴, 刘守剑, 等. 甘肃地区小麦条锈菌越冬规律的初步研究[J]. 植物病理学报, 1965, 8(1): 1-9.
- [3] 史延春, 鲁爱军, 张升恒, 等. 天水小麦条锈菌越冬区综合治理[J]. 植物保护, 2006, 32(5): 89-92.
- [4] 贾明贵, 李振岐, 商鸿生, 等. 天水地区小麦条锈病流行规律研究简报[J]. 西北农业大学学报, 1991, 19(增刊): 23-25.
- [5] 潘 广, 陈万权, 刘太国, 等. 天水地区不同海拔高度小麦条锈菌越冬调查报告[J]. 植物保护, 2011, 37(2): 103-106.
- [6] 蒲崇建. 甘肃省农作物病虫害测报技术规范[M]. 兰州: 甘肃科学技术出版社, 2009.
- [7] 张孝羲, 张跃进. 农作物有害生物预测学[M]. 北京: 中国农业出版社, 2005.
- [8] 张瑞英. 小麦条锈病超长期预报[J]. 植物保护, 2001, 27(6): 13-16.
- [9] 陈 刚, 王海光, 马占鸿. 利用判别分析方法预测小麦条锈病[J]. 植物保护, 2006, 32(4): 24-27.
- [10] 欧巧明, 崔文娟, 李忠旺, 等. 小麦持久条锈病抗源品种 89144 (BJ144) 芒性状遗传分析[J]. 甘肃农业科技, 2020(10): 31-34.
- [11] 刘鸿燕, 周喜旺, 王 娜, 等. 小麦农家品种魔掉尾苗期抗条锈性遗传分析[J]. 甘肃农业科技, 2020(5): 1-4.

(本文责编: 郑立龙)

乡四方墩村。当地平均海拔 1 669 m, 土壤类型薄层荒漠土, 年均降水量 161 mm, 年平均气温 7.7 °C。指示洋葱品种为红翎, 密度 375 000 株 /hm², 洋葱育苗日光温室面积 420 m²。于 2021 年 2 月 16—17 日于洋葱 2~3 叶 1 心期进行田间调查。随机调查 7 座日光温室, 每座日光温室为 1 个样本田块。每个样本田块均按棋盘式横向选择 5 个点, 纵向选择 10 个点, 每点为 1 个样方, 每个样方面积 0.25 m², 每块田调查 50 个样方, 统计洋葱根腐病株发生数量, 制作 χ^2 频次表。

1.2 空间分布型检验

1.2.1 聚集度指标检验 采用扩散系数 C 、Cassie 指标 CA 、Lloyd 聚集指标 M^*/\bar{x} 、David & Moore 丛生指数 I 以及种群聚集均数 λ 检验空间分布型。

1.2.2 线性回归检验 以平均拥挤度 M^* 与平均密度值做 Iwao 回归 $M^*=\alpha+\beta\bar{x}$ 。 α 为基本扩散指数, β 为密度扩散系数。当 $\alpha>0$, 个体间相互吸引, 分布的基本成分是个体群; $\alpha=0$, 分布基本成分是单个个体; $\alpha<0$, 个体间相互排斥。 $\beta=1$ 时, 随机分布; $\beta<1$ 时, 均匀分布; $\beta>1$ 时, 聚集分布。方差 S^2 与平均密度取对数值后做 Taylor 回归 $\lg(S^2)=\lg a+b\lg(\bar{x})$ 。 $b=1$ 时, 空间分布为随机分布; $b>1$ 时, 空间分布为聚集分布; b 趋近于 0 时, 空间分布为均匀分布。

1.3 理论抽样模型和序贯抽样模型

Iwao 理论抽样模型 $n=t^2/D^2[(\alpha+1)/\bar{x}+\beta-1]$, n 为最适抽样数或理论抽样数, \bar{x} 为平均密度, D 为允许误差, t 为置信度分布值, α 、 β 同 Iwao 回归模型参数。

Iwao 序贯抽样模型 $T_{(1, 2)}=nm_0 \pm t\sqrt{n[(\alpha+1)m_0+(\beta-1)m_0^2]}$, 加号计算可得到病株密度的上限值 T_1 , 减号计算可得到病株密度的下限值 T_2 。 n 即抽样数, m_0 为防治指标, t 为置信度分布值, 一般取 95% 置信区

间即 $t=1.96$; α 、 β 同 Iwao 理论抽样模型参数。田间调查时, 若累计查得的病株数大于上限值 T_1 , 说明病株发生高于防治指标, 需要防治; 若累计查得病株数量低于下限值 T_2 , 说明病株发生低于防治指标, 不需防治; 若累计查得病株数量处于上下限值之间, 需继续取样调查。

最大抽样数模型 $N_{\max}=t^2/\{d^2[(\alpha+1)m_0+(\beta-1)m_0^2]\}$, d 即允许误差 D , m_0 、 t 、 α 、 β 同 Iwao 序贯抽样模型参数。当田间调查到最大抽样数时, 若累计查得病株数量仍在上下限之间, 则根据该点最靠近的边界限值判断是否需要防治。

采用 Excel 2003 和 DPS17.10 软件对试验数据进行处理。

2 结果与分析

2.1 理论分布型检验

从表 1 可知, 1~7 号田的 χ^2 值均大于该自由度下泊松分布 $P_{0.05}$ 时的 χ^2 值, 表示 1~7 号田的病株实际分布均与泊松分布模型显著不符; 1~7 号田 χ^2 值均小于该自由度下 P-E 分布 $P_{0.05}$ 时的 χ^2 值, 表示上述田间病株的实际分布均与 P-E 分布模型显著相符, 其中 4 号田的 χ^2 值也小于该自由度下奈曼分布 $P_{0.05}$ 时的 χ^2 值, 表示 4 号田的病株实际分布也与奈曼分布模型显著相符。P-E 分布和奈曼分布都是聚集分布, 其中 P-E 分布是由传播中心逐渐扩散的聚集分布, 因此 1~7 号田洋葱根腐病株的发生分布均显著呈聚集分布, 且这种聚集分布均为中心病株逐渐扩散的结果。

2.2 聚集度指标检验

由表 2 可见, 1~7 号田的扩散系数 $C>1$ 、Lloyd 聚集指标 $M^*/\bar{x}>1$ 、Cassie 指数 $CA>0$ 、David & Moore 丛生指数 $I>0$, 表示洋葱根腐病在洋葱生长初期(2~3 叶 1 心期)田间发生分布均呈聚集分布。所有田块的聚集均数 $\lambda<2$, 表示病株在洋葱生长初期田间聚

表1 洋葱病株理论分布型检验^①

样本 田号	调查 样方 /个	\bar{x}	S^2	χ^2 值											
				泊松分布	适合度	奈曼分布	适合度	P-E分布	适合度	负二项分布	适合度				
1	50	1.400 0	5.083 3	266.88	$>\chi_{0.05}^2$	不适合	(-)	(-)	0.88	$<\chi_{0.05}^2$	适合	(-)	(-)		
2	50	0.400 0	0.833 3	55.62	$>\chi_{0.05}^2$	不适合	(-)	(-)	0.66	$<\chi_{0.05}^2$	适合	(-)	(-)		
3	50	1.320 0	4.810 0	122.74	$>\chi_{0.05}^2$	不适合	8.06	$>\chi_{0.05}^2$	不适合	0.72	$<\chi_{0.05}^2$	适合	33.01	$>\chi_{0.05}^2$	不适合
4	50	1.080 0	2.826 7	70.47	$>\chi_{0.05}^2$	不适合	3.51	$<\chi_{0.05}^2$	适合	1.59	$<\chi_{0.05}^2$	适合	28.20	$>\chi_{0.05}^2$	不适合
5	50	1.320 0	3.226 7	52.08	$>\chi_{0.05}^2$	不适合	11.69	$>\chi_{0.05}^2$	不适合	3.44	$<\chi_{0.05}^2$	适合	41.71	$>\chi_{0.05}^2$	不适合
6	50	1.280 0	5.293 3	400.43	$>\chi_{0.05}^2$	不适合	22.43	$>\chi_{0.05}^2$	不适合	0.25	$<\chi_{0.05}^2$	适合	(-)	(-)	
7	50	0.760 0	1.523 3	27.26	$>\chi_{0.05}^2$	不适合	(-)	(-)	2.22	$<\chi_{0.05}^2$	适合	32.92	$>\chi_{0.05}^2$	不适合	

①表中(-)表示数据不支持,不能用此方法分析。

表2 洋葱病株聚集度指标检验

样本 田号	\bar{x}	S^2	M^*	C	CA	M^*/\bar{x}	I	λ	空间分布
1	1.400 0	5.083 3	4.031 0	3.631 0	1.879 3	2.879 3	2.631 0	0.598 5	聚集分布
2	0.400 0	0.833 3	1.483 3	2.083 3	2.708 3	3.708 3	1.083 3	0.246 5	聚集分布
3	1.320 0	4.810 0	3.963 9	3.643 9	2.003 0	3.003 0	2.643 9	0.601 5	聚集分布
4	1.080 0	2.826 7	2.697 3	2.617 3	1.497 5	2.497 5	1.617 3	0.367 9	聚集分布
5	1.320 0	3.226 7	2.764 4	2.444 4	1.094 3	2.094 3	1.444 4	1.001 0	聚集分布
6	1.280 0	5.293 3	4.415 4	4.135 4	2.449 5	3.449 5	3.135 4	0.713 3	聚集分布
7	0.760 0	1.523 3	1.764 4	2.004 4	1.3216	2.321 6	1.004 4	0.696 0	聚集分布

集发生受环境因素决定。聚集均数 λ 和平均病株密度的回归模型为 $\lambda=0.55 360.739 3$ ($R^2=0.524 3$), 经检验, $F=2.8 < F_{0.05}$, 表示病株聚集程度与平均密度之间关系不显著。

2.3 线性回归检验

2.3.1 Iwao 回归 平均拥挤度 M^* 和平均密度的回归模型显著, 方程式为 $M^*=0.108 9+2.692 8$ ($R^2=0.748 4$), 经检验, $F=14.9 > F_{0.05}$ 。式中基本扩散指数 $\alpha=0.108 9 > 0$, 表示病株个体间相互吸引, 分布的基本成分是个体群; 密度扩散系数 $\beta=2.692 8 > 1$, 表示病株的空间分布型呈聚集分布。

2.3.2 Taylor 回归 方差 S^2 和平均密度对数值的回归模型极显著, 方程式为 $\lg(S^2)=0.451 4+1.461 4 \lg(\bar{x})$ ($R^2=0.916 1$), 经检验, $F=54.6 > F_{0.01}$ 。式中 $b=1.461 4 > 1$, 表示病株分布呈聚集分布。

2.4 理论抽样模型与序贯抽样模型

根据 Iwao 回归模型和 Iwao 理论抽样模型, 取 95% 置信度 (即 $t=1.96$), 可得出洋葱根腐病株在洋葱育苗初期的最适抽样模型 $n=3.841 6/D^2(1.108 9/\bar{x}+1.692 8)$ 。一般允许误差 D 可取 0.1、0.2 和 0.3, 可得出相应病株密度 (例如平均病株密度 =1、2、3、4、5、6、7、8、9、10 株 /0.25 m²) 的最适抽样数 (表 3)。若病株密度相同, 则抽样数量随着允许误差的增大而减少; 若允许误差相同, 则抽样数量随着病株密度增加而减少。

根据 Iwao 序贯抽样模型, 若选择洋葱根腐病防治指标为 10 株 /0.25 m², 即 $m_0=10$; 取 95% 置信区间即 $t=1.96$, 可得出洋葱根腐病株数量的上下限值方程为 $T_{(1,2)}=10n \pm 26.323 \sqrt{n}$ 。例如取调查样方数 $n=10、20、30、40、50、60、70、80、90、100$ 时, 可得到相应病株数量的序贯抽样 (表 4)。

表3 洋葱根腐病株理论抽样数

允许误差 (D)	病株密度/(株/0.25 m ²)									
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
0.1	1 076	863	792	757	736	721	711	704	698	693
0.2	269	216	198	189	184	180	178	176	174	173
0.3	120	96	88	84	82	80	79	78	78	77

表4 洋葱根腐病序贯抽样

抽样数 n	10	20	30	40	50	60	70	80	90	100
上限 T ₁	183	318	444	566	686	804	920	1 035	1 150	1 263
下限 T ₂	17	82	156	234	314	396	480	565	650	737

在田间调查中,若累计查得的病株数量大于表中上限值 T_1 ,即病株发生高于防治指标,需要防治;若累计查得病株数量小于表中下限值 T_2 ,即病株发生但低于防治指标,不需要防治;若累计查得病株数量处于 T_1 和 T_2 之间,仍需继续取样调查。

根据最大抽样模型,取 95%置信度即 $t=1.96$,一般允许误差 d 可取 0.2 或 0.3,例如 $d=0.3$ 时,可得出 $N_{\max} \approx 7\ 699$,即在防治指标为 (10 ± 0.3) 株 /0.25 m² 时,田间调查的最大抽样数是 7 699 个。实际应用中,在一定允许误差内调查到最大抽样数时,若累计查得的病株数量仍在 T_1 和 T_2 之间,则根据该数值最靠近的边限值来决定是否需要防治。

3 结论与讨论

根据田间调查、空间分布型检验和聚集强度指标检验,洋葱根腐病在洋葱 2~3 叶 1 心期的空间分布型呈聚集分布,该结论与根腐病在其他植物上的发生分布规律一致^[7-9]。但洋葱根腐病株聚集分布受栽培环境的影响较大,田间分布由中心病株逐渐扩散,且聚集程度与病株密度之间相关较小。通过数学模型建立了洋葱育苗初期洋葱根腐病株的最适抽样模型 $n=3.841\ 6/D^2(1.108\ 9/\bar{x}+1.692\ 8)$ 和序贯抽样模型 $T_{(1,2)}=10n \pm 26.323\ \sqrt{n}$,其中的序贯抽样模型方法可方便地应用于洋葱生产大户或基层专业化统防统治组

织。在实际生产中,可根据洋葱根腐病序贯抽样模型进行病株田间调查。

参考文献:

- [1] 赵海霞,常国军,张付平,等.洋葱根腐病防治药剂筛选试验[J].园艺与种苗,2019,39(2):22-23.
- [2] 朱新明,常国军,何丹,等.应用聚类分析和主成分分析法评价洋葱新品种[J].甘肃农业科技,2014(10):25-28.
- [3] 冯守疆,车宗贤,赵欣楠,等.配方施肥对洋葱品质及产量的影响初报[J].甘肃农业科技,2018(12):52-55.
- [4] 孙向平.根腐病防治模式研究[J].农业科学,2019,9(4):213-216.
- [5] P C VINCELLI, J W LORBEER. Root rot of onion caused by *Pythium irregulare* and *Pythium coloratum*[J]. Mycopathologia. 1990(3):67-72.
- [6] 杨万年,杨敏.山丹县露地直播洋葱病虫害防治技术[J].植物医生,2015,28(1):14-15.
- [7] 王会福,王永才,余山红,等.西兰花根腐病田间分布及抽样技术研究[J].浙江农业科学,2013(11):1394-1397.
- [8] 李熙英,朴相珍,黄世臣.红景天根腐病株空间分布格局及抽样技术[J].东北林业大学学报,2005,33(2):40-42.
- [9] 王厚振,华尧楠,牟吉元.棉铃虫预测预报与综合治理[M].北京:中国农业出版社,1999:83-109.

(本文责编:郑立龙)