



大豆根腐病监测与防控关键技术研究进展

叶文武,郑小波,王源超

(南京农业大学 植物保护学院,江苏 南京 210095)

摘要:根腐病是大豆生产中普遍发生且危害最为严重的病害之一,而病原菌种类复杂、抗病资源缺乏鉴定与合理利用、田间防控技术不成熟是该病防控过程中所面临的 3 个关键问题。为促进对上述问题的研究和解决,本研究综述病害诊断与监测、抗病品种鉴定与利用、药剂防控等关键技术的相关研究进展,介绍技术模式在生产中的应用并展望了病害防控的发展趋势,以期后续开展大豆根腐病监测与防控关键技术研究及应用提供理论与技术借鉴。
关键词:大豆根腐病; 卵菌与真菌; 病原检测; 抗病性; 种子杀菌剂处理

Research Progress on Key Technologies for Monitoring and Control of Soybean Root Rot

YE Wen-wu, ZHENG Xiao-bo, WANG Yuan-chao

(College of Plant Protection, Nanjing Agricultural University, Nanjing 210095, China)

Abstract: Soybean root rot is one of the most serious and common diseases in the soybean production of China. There are three major problems faced in field disease control, including the diversity of multiple pathogens species, the lack of identification and rational utilization of disease-resistant soybean resources, and the immature of disease control technologies. To promote the research and solution of these problems, this review summarized the research progress on diagnosis and monitoring of disease, identification and utilization of resistant varieties, and chemical control technologies, introduced the application of technology mode in production, and expected the development trend of disease control in the future. The insights will provide theoretical and technical reference for the follow-up research and application on monitoring and control of soybean root rot.

Keywords: Soybean root rot; Oomycete and fungi; Pathogen detection; Disease resistance; Seed fungicide treatment

病虫害的频繁发生制约着中国大豆的稳产和高产,影响了农民种植大豆的积极性,也是中国大豆生产缺乏国际竞争力的一个重要原因。大豆根腐病是一种病原种类复杂、分布广泛、危害严重且防治困难的土传(及种传)病害。20 世纪 70 年代起,根腐病在黑龙江垦区新发展成为大豆的主要病害之一,发病率高达 70% ~ 100%^[1]。由于多数地区重茬、迎茬现象长期比较普遍,根腐病目前仍是中国大豆生产中危害最为严重的病害之一,在东北、黄淮海和南方等大豆产区均广泛发生,造成的产量损失一般为 10% ~ 30%,严重田块则达到 60% 以上甚至绝收^[1-2]。

大豆根腐病是指由多种病原引起的大豆根部(及茎基部)病害的统称,病原种类复杂是诊断及防控该病害的根本难题。在田间,若干种病原引起的

根腐病(乃至其它虫害)在同一大豆植株经常同时或相继发生^[12],根据发病症状往往难以直接诊断病害。近年来基于分子检测技术与病害发生规律监测技术的应用提高了大豆根腐病的防控效果,同时抗病品种选育和药剂防控技术等的应用也成为防控大豆根腐病的有效手段。

本研究基于国内外相关研究的成果,针对该病防控中需要重点攻克的病原菌种类复杂、抗病资源缺乏鉴定与合理利用、田间防控技术不成熟等 3 个关键问题,对主要进展、技术应用、发展趋势等进行概述与展望。

1 大豆根腐病的诊断与监测

1.1 病原种类及病害症状

目前已报道的病原种类已有数十种,并且这些

收稿日期:2020-03-20

基金项目:国家重点研发计划(2018YFD0201000);现代农业产业技术体系建设专项(CARS-004-PS14)。

第一作者简介:叶文武(1984-),男,博士,副教授,主要从事卵菌与真菌病害研究。E-mail: yeww@njau.edu.cn。

通讯作者:王源超(1968-),男,博士,教授,主要从事卵菌与真菌病害研究。E-mail: wangyc@njau.edu.cn。

主要病原物分别归属于卵菌 (oomycetes) 和真菌 (fungi) 两大类。卵菌与真菌虽然都为丝状真核生物,但前者隶属于藻物界 (Chromista, 又称茸鞭生物界 Stramenopiles), 独立于真菌界 (Fungi)^[3], 二者之间在生理生化特征、药剂敏感性等方面均存在着显著的差别^[4]。

引致大豆根腐病的卵菌主要有疫霉和腐霉。大豆疫霉 (*Phytophthora sojae*) 引起疫霉根腐病 (*Phytophthora root rot*), 也称大豆疫病^[5-7]。该病分布广泛, 在大豆生长的各个时期均有发生, 导致烂种、死苗、根腐和茎腐, 发病植株的根部变为褐色, 侧根腐烂; 茎基部变褐腐烂, 病部环绕茎向上蔓延; 下部叶片叶脉间黄化, 上部叶片褪绿、萎蔫, 凋萎叶片悬挂在植株上, 呈倒八字型。终极腐霉 (*Pythium ultimum*)、瓜果腐霉 (*Pythium aphanidermatum*) 和群结腐霉 (*Pythium myriotylum*) 等数种腐霉菌可引起猝倒病 (*Pythium damping off*)^[5, 8]。该病主要侵染幼苗的茎基部, 近地表的幼茎发病初期呈现水渍状条斑, 后病部变软缢缩, 呈黑褐色, 病苗很快倒折枯死。

引致大豆根腐病的真菌中, 镰孢菌的分布最广、种类最多, 已发现茄腐镰孢 (*Fusarium solani*)、尖镰孢 (*Fusarium oxysporum*) 和木贼镰孢 (*Fusarium equiseti*) 等数十种镰孢菌可引起镰孢根腐病 (*Fusarium root rot*) 或猝死综合症 (Sudden Death Syndrome, SDS; 检疫性病害, 国内目前未见报道)^[5, 9-10]。该病在苗期条件适宜时为害根部引起死苗, 侧根和主根下部变棕褐色; 症状较轻的仅引起苗黄, 主根周围重新长出新的侧根, 恢复生长, 但在后期可能又引起早衰及枯死, 根茎皮层及维管束变褐。此外, 立枯丝核菌 (*Rhizoctonia solani*) 能够引起立枯病 (*Rhizoctonia root rot*)^[5], 该病一般在感病幼苗主根及近地面茎基部出现红褐色稍凹陷的病斑, 植株枯而不倒, 皮层开裂呈溃疡状; 幼苗外形矮小, 生育迟缓。拟茎点种腐病菌 (*Phomopsis longicolla*) 等拟茎点霉引起拟茎点种 (茎) 腐病 (*Phomopsis seed decay*)^[5], 该病可引起大豆种子腐烂, 影响种子发芽; 正常长成的植株也经常在近成熟期发病, 茎部表皮可见紫褐色带状连续或散布的病斑, 茎节处髓部变红褐色; 植株茎荚褪绿, 直至整株枯萎死亡。冬青丽赤壳菌 (*Calonectria ilicicola*) 会引起红冠腐病 (Red crown rot)^[11], 该病一般在结荚期以后显症, 引起叶片叶脉间变黄, 随即萎蔫、落叶, 茎基部变红褐色,

皮层腐烂, 表面可见大量红橙色球状颗粒, 根系变黑腐烂, 植株枯萎死亡。

1.2 病原检测技术的发展

发展病原检测技术是诊断大豆根腐病并监测其发生规律的基础。目前已发展的主要技术有: 基于菌株分离 (诱捕) 的传统鉴定方法^[13]、基于聚合酶链式反应 (Polymerase Chain Reaction, PCR; 包括常规 PCR 和定量 PCR) 的分子检测^[14-15] 和基于环介导等温扩增 (Loop-mediated Isothermal DNA Amplification, LAMP) 的快速分子检测^[16-17] 等。近年来, 在挖掘基因组大数据筛选分子靶标的基础上^[18], 针对十余种主要大豆根腐病菌的特异性 LAMP 快速分子检测技术体系被逐一建立, 组成了一套灵敏、高效、全面的大豆根腐病诊断与监测系统, 完成单个分子检测流程的所需时间仅为 1 个工作日, 检出效率达到 90% 以上^[12]。

1.3 病害发生规律的监测

疫霉根腐病、立枯病和镰孢根腐病一直是生产中发生率较高的大豆根腐病, 在 2016 年对黄淮海 159 株染病大豆的分析结果中, 分别占 59%、34% 和 86% (多种镰孢菌累计)^[12]; 在该结果中, 拟茎点种腐病的植株比例也高达 57%^[12], 且该病呈逐年加重的趋势, 严重田块的染病植株往往达到 90% 以上。在 2016–2018 年对猝倒病病原的田间调查中, 从大豆植株或土壤共分离鉴定到 32 种腐霉或植物腐霉 (*Phytophythium*; 过去归为 *Pythium*), 其中 9 种对大豆具有较高致病力^[19], 表明猝倒病也是一类主要的大豆根腐病。此外, 红冠腐病也是近年来被发现和需要重视的一种根腐病^[11], 已在局部地区严重发生, 是大豆生长后期早衰的重要原因之一。

大豆根腐病菌大多通过土壤、病残体或种子传播, 在苗期侵染后直接危害大豆根茎部, 或在初侵染定殖以后直至大豆生长中后期才显现症状。通过对黄淮地区采集的大豆根腐病样本进行分子检测, 揭示了不同时期的主要病原种类, 早期主要是大豆疫霉、立枯丝核菌和尖镰孢菌等, 中后期主要是拟茎点种腐病菌、木贼镰孢菌、茄腐镰孢菌、冬青丽赤壳菌等^[12]。同时发现, 超过 80% 的发病植株中含有 2 种以上病原, 表明田间普遍存在复合侵染^[12]。分析黄淮和东北地区主要大豆品种 (系) 的种子, 发现拟茎点种腐病菌、立枯丝核菌、尖镰孢菌、木贼镰孢菌、禾谷镰孢菌、层出镰孢菌和平头炭疽菌等病菌均可通过种子被携带传播^[20-21]; 此外,

也有报道发现大豆疫霉能够以卵孢子和菌丝体存在于大豆种子的种皮、胚和子叶^[22],表明种子带菌是大豆根腐病初侵染的重要途径。

因此,在防控对象上应兼具考虑卵菌和真菌等两类病原物,并注意针对苗期(为害种子和幼苗)和成熟期(病势二次发展,导致早衰)这2个关键发病时期,提前采取预防措施。

2 大豆根腐病抗病品种的鉴定与利用

2.1 对不同根腐病菌的抗性普查

选用抗病品种是防控作物病害(特别是土传病害)最为经济有效的一种办法。在明确病原种类与病害发生规律的基础上,大豆下胚轴接种技术^[23]、无毒基因的基因枪(particle bombardment)表达技术^[24]等快速精准鉴定大豆抗病性的技术体系被建立,抗病品种的筛选和利用进程大大加快。在前期开展的大豆品种(系)对不同根腐病菌的抗性普查中,发现极少有对尖镰孢菌、层出镰孢菌、立枯丝核菌、冬青丽赤壳菌和终极腐霉菌表现高抗的大豆材料,对木贼镰孢菌、禾谷镰孢菌和茄腐镰孢菌等高抗的大豆材料仅有5%~20%,而对大豆疫霉(部分中等毒力菌株)的高抗材料则约达50%^[25],表明抗疫霉根腐病的大豆资源有待挖掘和有效利用。此外,田间不同大豆品种对拟茎点种腐病的感病性具有较大差异,表明生产中也存在对该病的大豆抗性资源,有待进一步开展品种(系)抗病性的普查和应用研究。

2.2 有效抗病基因的鉴定和利用

目前鉴定的对大豆疫霉的抗病基因(或位点)已有30余个^[26],而如何根据田间病原群体的实际特征进一步遴选有利用价值的抗病基因,并选育利用好相应的品种资源是防控根腐病的关键。为了鉴定“有效”抗病基因,唐庆华等^[27-28]在搜集中国不同产区大豆疫霉菌株的基础上,利用分别含有单抗病基因的14个大豆鉴别寄主材料,根据人工接菌的抗感病结果,明确了*Rps3c*、*Rps5*和*Rps7*等抗性频率仅为30%或20%以下,即在生产中丧失了利用价值,而*Rps1a*、*Rps1c*和*Rps1k*等抗病基因的抗性频率达到60%或70%以上,即利用含有这些抗病基因的大豆品种可较好地防控疫霉根腐病。

大豆对大豆疫霉的抗性在遗传学上符合“基因对基因”学说,即大豆的抗病基因(resistance/*R* gene)与大豆疫霉的无毒基因(avirulence/*Avr* gene)

存在对应的“识别”关系。随着基因组测序和生物信息分析的快速发展,*Avr1a*、*Avr1c*和*Avr1k*等9个大豆疫霉无毒基因先后被克隆,揭示了*Rps1a*、*Rps1c*和*Rps1k*等抗病基因所“识别”的病原分子靶标^[29-32]。在此基础上,通过基因枪技术在大豆上表达特定的无毒基因,随后根据肉眼识别的抗感表型,可直接准确判定大豆中是否含有相应的抗病基因。来自东北、黄淮海和南方等地的主栽大豆品种,如东农60、合农72、合丰55、黑农71、皖豆28、冀豆12、郑196、菏豆19、毛豆75-3等,已被鉴定含有*Rps1a*、*Rps1c*、*Rps1k*等在内的1个或多个“有效”抗病基因^[24],这些品种在抗疫霉根腐病的应用中具有很好的潜力。

2.3 品种抗病性丧失的合理预防

抗病性并非一劳永逸,存在着抗性丧失的风险,而其本质是病原菌(主要是无毒基因)的变异。比较基因组学分析发现,大豆疫霉无毒基因受到强烈的正向选择压力,是基因组中变异最快的基因家族之一^[33]。研究证明,这些无毒基因可通过基因丢失、序列突变、表达沉默等多种机制发生变异^[28, 31, 34]。“注意品种合理布局,避免多年种植单一品种”是应对作物抗性丧失的重要思路。对大豆疫霉根腐病而言,一方面是持续监测田间病原菌群体中的无毒基因是否仍然可被“识别”,校准现行的“有效”抗病基因;另一方面则是合理布局含有不同“有效”抗病基因(或组合)的品种,选育多个“有效”抗病基因聚合的新品种,避免或延缓单抗病基因位点丢失。

更重要的是,根腐病的病原种类复杂多样,抗病性并不能防御所有病原菌的侵染。因此,针对大豆疫霉及其它根腐病菌采取药剂防控等手段,既能够避免对大豆疫霉抗病性丧失的风险,也是田间有效防控根腐病的必要措施。优质抗病品种与高效防控药剂在田间防控中不可或缺,通过合理配套使用,避免或延缓抗病性及抗药性丧失的问题,能够实现科学持久的有效防控。

3 大豆根腐病的药剂防控技术

3.1 药剂防控策略

根腐病在苗期发生后,往往对大豆根部造成不可逆转的毁灭性危害,施药挽救的效果并不显著,并且直接向根部施药也存在一定的技术困难。因此,在选用抗病品种的基础上,在播种前进行药剂

拌种,并在生长期适时采取药剂喷防,是另一项必要、有效、简便的根腐病防控技术措施。在药剂选择上,既要考虑防控大豆疫霉、腐霉等卵菌(如甲霜灵、精甲霜灵等),又要考虑防控镰孢菌、立枯丝核菌、拟茎点种腐病菌等真菌(如咯菌腈、苯醚甲环唑等);此外,在(生长期)地下害虫及刺吸类害虫频发的地区,还需要兼顾考虑对应的内吸性杀虫剂(如噻虫嗪、吡虫啉等)。在药剂属性上,除了安全性高、作用谱准确之外,应优选内吸性较好、持效期较长的药剂品种,以维持较好的防效。

3.2 药剂拌种技术

防控大豆根腐病的拌种药剂宜选择低毒(或微毒)的悬浮种衣剂,如 6.25% 精甲霜灵·咯菌腈、25% 噻虫嗪·精甲霜灵·咯菌腈、27% 噻虫嗪·咯菌腈·苯醚甲环唑等。使用拌种机直接拌种(少量时可用塑料密封袋进行摇匀),可按需随拌随播。值得注意的是,大豆拌种时种衣剂不必加水稀释,加水稀释不仅增加操作工序和晾晒时间,还可能造成种皮膨胀、破裂,削弱了药效,并直接影响了播种与出苗质量。此外,有些药剂容易引起药害,应注意选用已登记的防治大豆根腐病的专用种衣剂,并严格根据药剂使用说明确定使用量。同时,积水有利于根腐病发生及传播蔓延,田间(特别是苗期)应注意排水防涝。

3.3 药剂喷防技术

受大豆抗病性(强度)、拌种药剂(作用谱、持效期)及田间气候与环境等因素的综合影响,一些根腐病菌(如镰孢菌、拟茎点霉、冬青丽赤壳菌等)在苗期没有侵染或显现症状造成显著危害,但在中后期大豆植株长势逐步衰退(包括虫害的影响)以后,会造成早衰、枯死等严重危害。因此,在及时做好病虫害监测的基础上,初花期前后或结荚期酌情喷施杀菌剂、杀虫剂,以及叶面肥(或生长调节剂、免疫诱抗剂^[35]等)是减少病虫害、维持植株强健、预防根腐病早衰、增加产量的有效措施。选择杀菌剂时,注意考虑兼具保护和治疗作用的药剂。宜选择的有:32.5% 嘧菌酯·苯醚甲环唑悬浮剂、75% 肟菌酯·戊唑醇水分散粒剂(杀菌剂);40% 氯虫苯甲酰胺·噻虫嗪水分散粒剂(杀虫剂);富万钾、美洲星、碧护(叶面肥或调节剂)等。

4 大豆根腐病综合防控技术的应用模式

大豆根腐病防控技术的应用是与育种、肥料、栽培、农机等方面有机耦合、贯穿于整个大豆生产

的系统性问题,需要有科学配套的轻简化技术模式作为实际应用的载体。围绕对大豆根腐病的研究,依托国家大豆产业技术体系、国家重点研发计划、公益性行业(农业)科研专项等平台或项目,以病害调查监测、抗病品种利用、药剂防控技术等为核心的关键技术和产品经研发和熟化,集成了与麦茬大豆机械化生产相配套、全程防控大豆主要病虫害的“一拌一封一喷”技术模式。“一拌”即选用(根腐病等)抗性品种并进行(根腐病等)药剂拌种;“一封”即机械化封闭除草;“一喷”即在大豆生长中后及时准确地使用(根腐病等)药剂和肥料进行植株保健和病虫害防控。“一拌”和“一封”与麦茬免耕覆秸播种机配套,能够一次性操作实现灭茬、播种、侧方施肥、封闭除草、覆秸等作业的“五位一体”;“一喷”则是通过使用农用植保无人机或高杆喷雾机等器械喷施药(肥)实现“一喷多防”。该技术模式已于 2018-2020 年在安徽、河南、山东、河北、四川和江苏等多省进行了大面积示范。

5 展 望

随着中国大豆轮作、秸秆还田、免耕、间混套作等大尺度新种植模式的创新变革,加之全球气候的变化和化学农药及肥料的不科学使用,农田环境及有害生物的生态平衡发生着显著的变化,根腐病等大豆病虫害的发生发展呈现新的演变。例如,拟茎点种(茎)腐病和红冠腐等根腐病的危害正在全国各地的大豆生产中不断加剧。因此,需要持续做好科学、系统的调查与监测,重视对新发、突发病害的应急监控与研究,加强利用大数据方法解析病害的分布与发展规律,指导病害预警及防控技术方案的制定,同时做好品种等资源抗性的鉴定,促进良种的联合攻关及科学利用。

此外,“无药可施”是当前限制大豆根腐病等病虫害防控技术发展的一个重要外在因素。当前中国在大豆上登记的杀菌剂仅 40 余种(为水稻的 2%,花生的 17%),且存在类型老化单一、防效欠佳、毒性高、价格高等问题。因此,急需鼓励植保化工企业、科研团队和种子加工企业等生产与研发人员的积极性,通过协同合作与创新,推动发展高效低毒、农民爱用(高性价比)的防控药剂^[36]。同时,绿色发展、化学减量(零增长)是新形势下中国农药产业的必然要求,除了化学农药的低毒绿色化,发展生物农药、作物免疫调控剂等新型绿色替代产品也将是未来根腐病等大豆病虫害防控的发展趋势。

参考文献

[1] 刘义才, 郭庆才. 大豆根腐病的发生规律及防治研究[J]. 植物保护, 1982 (5):33. (Liu Y C, Guo Q C. Occurrence and control of soybean root rot [J]. Plant Protection, 1982 (5):33.)

[2] 李长松. 大豆根腐病的研究概况[J]. 中国油料, 1993 (1): 79-83. (Li C S. Research overview of soybean root rot [J]. Oil Crops of China, 1993 (1):79-83.)

[3] Harper J T, Waanders E, Keeling P J. On the monophyly of chromalveolates using a six-protein phylogeny of eukaryotes [J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2005, 55(1):487-496.

[4] 苗建强, 蔡萌, 张灿, 等. 植物病原卵菌对重要抑制剂的抗性分子机制研究进展[J]. 农药学报, 2019, 21 (Z1):736-746. (Miao J Q, Cai M, Zhang C, et al. Molecular resistance mechanism of phytopathogenic oomycete to several important fungicides[J]. Chinese Journal of Pesticide Science, 2019, 21 (Z1):736-746.)

[5] Rizvi S S A, Yang X B. Fungi associated with soybean seedling disease in Iowa [J]. Plant Disease, 1996, 80(1):57-60.

[6] Erwin D C, Ribeiro O K. *Phytophthora* diseases worldwide [M]. Saint Paul: American Phytopathological Society, 1996.

[7] Stovold G E, Smith H J P. The prevalence and severity of diseases in the coastal soybean crop of New-South-Wales [J]. Australian Journal of Experimental Agriculture, 1991, 31(4):545-550.

[8] Rojas J, Jacobs J L, Napieralski S, et al. Oomycete species associated with soybean seedlings in north America-Part I: Identification and pathogenicity characterization [J]. Phytopathology, 2017, 107(3):280-292.

[9] Roy K W, Lawrence G W, Hodges H H, et al. Sudden-Death syndrome of soybean: *Fusarium solani* as incitant and relation of *Heterodera glycines* to disease severity [J]. Phytopathology, 1989, 79(2):191-197.

[10] 许艳丽, 魏巍. 镰孢菌与大豆根腐病研究进展[J]. 东北农业大学学报, 2020, 51(3):87-96. (Xu Y L, Wei W. Research progress of *Fusarium* species and soybean root rot [J]. Journal of Northeast Agricultural University, 2020, 51(3):87-96.)

[11] 盖云鹏, 潘汝谦, 关铭芳, 等. 一种值得关注的大豆病害——大豆红冠腐病[J]. 植物保护, 2014, 40(4):118-121. (Gai Y P, Pan R Q, Guan M F, et al. A notable soybean disease, red crown rot of soybean [J]. Plant Protection, 2014, 40 (4): 118-121.)

[12] Ye W W, Zeng D D, Xu M, et al. A LAMP-assay-based specific microbiota analysis reveals community dynamics and potential interactions of 13 major soybean root pathogens [J]. Journal of Integrative Agriculture, 2020, 19(8):2056-2063.

[13] 王子迎, 王源超, 张正光, 等. 土壤中大豆疫霉菌诱捕方法的改进[J]. 植物病理学报, 2005 (6):557-559. (Wang Z Y, Wang Y C, Zhang Z G, et al. An improved method of baiting *Phytophthora sojae* from soil [J]. Acta Phytopathologica Sinica, 2005 (6):557-559.)

[14] Wang Y C, Zhang W L, Zheng X B. Rapid and sensitive detection of *Phytophthora sojae* in soil and infected soybeans by species-specific polymerase chain reaction assays [J]. Phytopathology, 2006, 96(12):1315-1321.

[15] 王立安, 张文利, 王源超, 等. 大豆疫霉的 ITS 分子检测[J]. 南京农业大学学报, 2004 (3):38-41. (Wang L A, Zhang W L, Wang Y C, et al. Molecular ITS detection of *Phytophthora sojae* [J]. Journal of Nanjing Agricultural University, 2004 (3): 38-41.)

[16] Dai T T, Lu C C, Lu J, et al. Development of a loop-mediated isothermal amplification assay for detection of *Phytophthora sojae* [J]. FEMS Microbiology Letters, 2012, 334(1):27-34.

[17] Lu C C, Song B, Zhang H F, et al. Rapid diagnosis of soybean seedling blight caused by *Rhizoctonia solani* and soybean charcoal rot caused by *Macrophomina phaseolina* using LAMP assays [J]. Phytopathology, 2015, 105(12):1612-1617.

[18] Dai T T, Meng J, Dong S M, et al. A *Phytophthora* conserved transposon-like DNA element as a potential target for soybean root rot disease diagnosis [J]. Plant Pathology, 2013, 62 (3): 719-726.

[19] Feng H, Chen J J, Yu Z, et al. Pathogenicity and fungicide sensitivity of *Pythium* and *Phytophthora* spp. associated with soybean in the Huang-Huai region of China [J]. Plant Pathology, 2020, 69(6):1083-1092.

[20] 袁咏天, 叶文武, 曾丹丹, 等. 基于环介导等温扩增技术检测东北地区大豆主要品种(系)种子携带的病病原[J]. 大豆科学, 2017, 36(4):592-597, 638. (Yuan Y T, Ye W W, Zeng D D, et al. Detection of soybean seed-borne pathogens in northeast China using loop-mediated isothermal amplification assays [J]. Soybean Science, 2017, 36(4):592-597, 638.)

[21] 曾丹丹, 张海峰, 田擎, 等. 基于环介导等温扩增技术检测黄淮地区大豆主栽品种种子携带的病病原[J]. 南京农业大学学报, 2016, 39(6):947-953. (Zeng D D, Zhang H F, Tian Q, et al. Detection of soybean seed-borne pathogens in Huang-huai area using LAMP assays [J]. Journal of Nanjing Agricultural University, 2016, 39(6):947-953.)

[22] 周肇蕙, 严进. 大豆疫病的检疫研究——种子带菌及检验技术[J]. 植物检疫, 1996, 5 (10):2-6. (Zhou Z H, Yan J. Quarantine of soybean *Phytophthora* root rot, seed-borne pathogen and the detection [J]. Plant Quarantine, 1996, 5(10):2-6.)

[23] Yang J, Ye W W, Wang X M, et al. An improved method for the identification of soybean resistance to *Phytophthora sojae* applied to germplasm resources from the Huanghuaihai and Dongbei regions of China [J]. Plant Disease, 2020, 104(2):408-413.

[24] Yang J, Zheng S J, Wang X M, et al. Identification of resistance genes to *Phytophthora sojae* in domestic soybean cultivars from China using particle bombardment [J]. Plant Disease, 2020, 104 (7):1888-1893.

[25] 杨瑾, 汪孝瑞, 叶文武, 等. 黄淮海地区大豆种质资源对疫霉根腐病的抗性鉴定[J]. 大豆科学, 2020, 39 (1):12-22. (Yang J, Wang X M, Ye W W, et al. Identification of soybean resistance to *Phytophthora sojae* in the germplasm resources from Huanghuaihai region of China [J]. Soybean Science, 2020, 39

(1):12-22.)

[26] 刘世名,李魏,戴良英. 大豆疫霉根腐病抗性研究进展[J]. 大豆科学,2016, 35(2):320-329. (Liu S M, Li W, Dai L Y. Progresses in research on the resistance of soybean to *Phytophthora* root rot caused by *Phytophthora sojae* [J]. Soybean Science,2016, 35(2):320-329.)

[27] 唐庆华,崔林开,李德龙,等. 黄淮地区大豆种质资源对疫霉根腐病的抗病性评价[J]. 中国农业科学,2010, 43(11): 2246-2252. (Tang Q H, Cui L K, Li D L, et al. Resistance evaluation of soybean germplasm from Huanghuai valley to *Phytophthora* root rot [J]. Scientia Agricultura Sinica,2010, 43(11):2246-2252.)

[28] Yang J, Wang X M, Guo B D, et al. Polymorphism in natural alleles of the avirulence gene *Avr1c* is associated with the host adaptation of *Phytophthora sojae* [J]. Phytopathology Research, 2019, 1(1):28.

[29] Na R, Yu D, Chapman B P, et al. Genome re-sequencing and functional analysis places the *Phytophthora sojae* avirulence genes *Avr1c* and *Avr1a* in a tandem repeat at a single locus [J]. PLoS One, 2014, 9(2):e89738.

[30] Dong S M, Yin W X, Kong G H, et al. *Phytophthora sojae* avirulence effector *Avr3b* is a secreted NADH and ADP-ribose pyrophosphorylase that modulates plant immunity [J]. PLoS Pathogens, 2011, 7(11):e1002353.

[31] Yin W X, Dong S M, Zhai L C, et al. The *Phytophthora sojae* *Avr1d* gene encodes an RxLR-dEER effector with presence and absence polymorphisms among pathogen strains [J]. Molecular Plant-Microbe Interactions, 2013, 26(8):958-968.

[32] Anderson R G, Deb D, Fedkenheuer K, et al. Recent progress in RXLR effector research [J]. Molecular Plant-Microbe Interactions, 2015, 28(10):1063-1072.

[33] Ye W W, Wang Y, Tyler B M, et al. Comparative genomic analysis among four representative isolates of *Phytophthora sojae* reveals genes under evolutionary selection [J]. Frontiers in Microbiology, 2016, 7:1547.

[34] Dong S M, Yu D, Cui L K, et al. Sequence variants of the *Phytophthora sojae* RXLR effector *Avr3a/5* are differentially recognized by *Rps3a* and *Rps5* in soybean [J]. PLoS One, 2011, 6(7):e20172.

[35] 杨波,王源超. 植物免疫诱剂的应用研究进展[J]. 中国植保导刊, 2019, 39(2):24-32. (Yang B, Wang Y C. Application progress of plant immunity inducers [J]. China Plant Protection, 2019, 39(2):24-32.)

[36] 朱春雨,吴新平,刘西莉,等. 防控大豆病害的农药登记现状及发展对策[J]. 植物保护, 2011, 1(36):9-14. (Zhu C Y, Wu X P, Liu X L, et al. Present situation and developing strategies for registered agrochemicals used for the control of soybean diseases [J]. Plant Protection, 2011, 1(36):9-14.)

欢迎订阅 2021 年《北方园艺》

中文核心期刊(1992 – 2017) 中国农业核心期刊

美国化学文摘社(CAS)收录期刊2015、2016、2018 年期刊数字影响力 100 强

《北方园艺》是由黑龙江省农业科学院主管,黑龙江省园艺学会、黑龙江省农业科学院主办的园艺类综合性学术期刊。创刊以来,《北方园艺》始终与时代同频,策划新栏目,报道行业热点,不断推出具有创新价值、学术价值和实用价值的科研成果,在全国园艺类核心期刊中排名第三;在新时代背景下,《北方园艺》积极推动传统媒体与新兴媒体的融合发展,探索新型出版模式,设有专属投稿网站和微信公众号,学术传播力不断提升。

为增加文章的可读性和更好的体现研究成果,本刊增加了内文和封二新品种彩版宣传;作者也可将团队试验成果以音视频形式在本刊微信公众号传播,具体事宜联系编辑部。

栏目设置:研究论文、研究简报、设施园艺、园林花卉、资源环境生态、贮藏加工检测、中草药、食用菌、专题综述、产业论坛、农业信息技术、农业经济、农业经纬、实用技术、新品种(彩版封二)。

国际标准刊号:ISSN 1001 – 0009 **国内统一刊号:**CN 23 – 1247/S

邮发代号:14 – 150

半月刊 每月 15、30 日出版 单价:35.00 元 全年:840.00 元

全国各地邮局均可订阅,或直接向编辑部汇款订阅。

投稿网址:www. haasep. cn

地址:黑龙江省哈尔滨市南岗区学府路 368 号《北方园艺》编辑部

邮编:150086

电话:0451 – 86694145

信箱:bffybjb@ vip. 163. com

