调 查 研 究
Investigations

花生网斑病不同病斑类型及其病原菌致病力差异

李绍建， 高 蒙， 王 娜， 崔小伟， 刘春燕， 王振宇*

（河南省农业科学院植物保护研究所；农业部华北南部作物有害生物综合治理重点实验室；
河南省农作物病虫害综合防治重点实验室，郑州 450002）

摘要 本文描述了河南省发生日趋严重的花生网斑病在田间出现的一种新的病斑类型，并结合已报道的两种病斑类型，对3种病斑类型的病原菌开展致病力差异研究。研究结果表明：田间新发现的花生网斑病病斑特征明显，综合分析后将花生网斑病病斑类型分别定为网纹型、类褐斑型和污斑型；同一花生品种上3种病斑类型病原菌菌株间存在明显的致病力差异，同一病斑类型菌株对不同花生品种的致病力也表现出显著差异。

关键词 花生网斑病； 病斑类型； 病原菌； 菌株； 致病力差异

中图分类号： S 435.652 **文献标识码：** A **DOI：** 10.16688/j.zwbh.2017295

Different lesion types of peanut web blotch and virulence differences of their pathogens

LI Shaojian， GAO Meng， WANG Na， CUI Xiaowei， LIU Chunyan， WANG Zhenyu

（*Henan Key Laboratory of Crop Pest Control*，*Key Laboratory of Integrated Pest Management on Crops in Southern Region of North China*，*Institute of Plant Protection*，*Henan Academy of Agricultural Sciences*，*Zhengzhou* 450002，*China*）

Abstract A new lesion type of peanut web blotch caused by *Peyronellaea arachidicola* was described and the virulence differences of the pathogens resulting in different lesion types were investigated in this research. By a comprehensive analysis of the lesion features, three lesion types of peanut web blotch were sorted, including type of reticulate elongation, type of brown spot like and type of irregular stain. Furthermore, virulence test showed that virulence was significantly different not only among pathogens caused three lesion types on the same peanut cultivar, but also among the peanut cultivars caused by same pathogen with the same lesion type.

Key words peanut web blotch； lesion type； pathogen； strain； virulence difference

花生 *Arachis hypogaea* Linn. 是重要的油料和经济作物，其生产遍布世界各大洲100多个国家。目前，中国是世界上最大的花生生产、消费和贸易出口国，花生在我国国民经济发展和对外贸易中占有重要地位[1]。河南省是中国传统花生大省，其花生种植面积自2004年以来一直稳居我国第一位[2-3]。近年来，河南省花生网斑病发生日趋严重，造成叶片提早脱落，影响花生后期灌浆成熟，严重影响产量。

花生网斑病最早于1972在美国德克萨斯州发现[4]。在我国，该病于1982年在山东、辽宁等省的花生主产区首次发现，随后陕西、河南等省也相继报道了该病[5-6]。目前，普遍被学者接受的花生网斑病病原菌为花生茎点霉 *Phoma arachidicola*，这一名称最早是由 Marasas 等[7]于1974年研究南非发现的花生网斑病时据其形态学特征而命名的。一直以来，花生网斑病病原菌的属级分类地位较为混乱，出现了许多不同的命名，直至2010年 Aveskamp 等[8]对茎点霉属 *Phoma* 进行系统发育分析，将原茎点霉属下的派伦霉节（section）升为派伦霉属，并将花生

收稿日期： 2017－08－07 **修订日期：** 2017－09－25
基金项目： 河南省科技攻关计划（162102110008）；河南省重大科技专项（161100111000）
* 通信作者 E-mail：wangzy21@163.com

网斑病病原菌归到此属,因此本文沿用上述最新的名称花生派伦霉 *Peyronellaea arachidicola*。

截至目前,有关花生网斑病发生危害及防治的研究报道较多,而对于其病原菌致病力的系统研究较少。有鉴于此,结合本课题组在田间调查时新发现的一种花生网斑病病斑类型,本文对花生网斑病 3 种病斑类型进行特征区分,并进一步对 3 种病斑类型的病原菌致病力差异开展研究,以期指导田间病害识别,并为病害的深入研究及抗性品系筛选提供理论依据。

1　材料与方法

1.1　供试菌株及花生品种

花生网斑病不同病斑类型病叶分别采集于河南省南阳市新野县高庙乡仁桥村(网纹型)、新野县北王庄(类褐斑型)及河南省农业科学院原阳基地(污斑型),经室内组织分离并纯化后保存菌株。

供试花生品种为'开农 1760'、'兴花 6 号'、'豫花 9327'、'豫花 22'、'豫花 15'、'远杂 9102'。

1.2　病害症状描述

根据花生网斑病田间危害症状特点进行描述记载。

1.3　病原菌鉴定

1.3.1　病原菌形态特征

刮取病原菌菌落,显微观察,并参考《中国真菌志》[9]及《The genera of hyphomycetes》[10]描述其形态特征;将纯化的病原菌菌株用 PDA 平板活化,25℃光照培养箱培养,观察菌落颜色、形状以及菌丝疏密程度等。

1.3.2　柯赫氏法则验证

选用有 6～8 片真叶的'豫花 22'进行致病性测定。病原菌接种采用菌丝悬浮液涂抹法(菌丝片段长度约 100～200 μm,浓度为 1.6×10^{-3} g/mL),以清水接种为对照。每处理 3 次重复,每次重复 6 片复叶。接种后每片复叶套自封袋保湿,花生植株均置于 28℃条件下培养,逐日观察并记录接菌植株叶片发病情况。

1.3.3　病原菌 rDNA-ITS 序列分析

采用上海莱枫生物科技有限公司的真菌基因组 DNA 小量提取试剂盒提取菌株基因组 DNA。选用真菌通用引物 ITS1(5′-TCCGTAGGTGAACCTGCGG-3′)和 ITS4(5′-TCCTCCGCTTATTGATATGC-3′)对病原菌基因组 DNA 进行 PCR 扩增。

PCR 反应体系 25 μL:2×*Taq* PCR Master Mix 12.0 μL,引物 ITS1/ ITS4 各 1 μL,模板 DNA 1 μL,ddH_2O 10 μL。PCR 扩增反应条件为:94℃预变性 3 min;94℃变性 30 s,53℃退火 30 s,72℃延伸 50 s,32 个循环;72℃延伸 10 min,4℃保存。

PCR 扩增产物经琼脂糖凝胶电泳检测后委托生工生物工程(上海)股份有限公司进行测序,测序结果在 GenBank 数据库中进行 BLAST 比对分析。

1.4　致病力测定

1.4.1　接种体制备

分别挑取 3 种病斑类型的病原菌菌株移植于 PDA 平板中,25℃的光照培养箱(L//D=12 h//12 h)中恒温培养 10 d,随后在超净工作台内分别将菌丝刮入装有灭菌玻璃珠的 2 mL PE 离心管中,在离心管内加入 200 μL 无菌水,于 Bullet Blender STORM 研磨仪(Next Advance)8 档研磨 45 s,取出研磨液并稀释至菌丝浓度为 1.6×10^{-3} g/mL,按 0.15%加入吐温-20 后摇匀备用。

1.4.2　接种及调查

选取长势一致的花生幼苗(苗龄 20～30 d),采用菌丝悬浮液涂抹法接种,用无菌棉签蘸取菌丝悬浮液,均匀涂抹到叶片正面,接种完成后做好标记并将每片复叶套封口袋保湿,所有接种的花生植株置于 25℃的人工气候箱(L//D=12 h//12 h)内培养,每个菌株接种设 3 次重复。

接种后 14 d 调查,记录总叶数、发病叶片数,所有的发病叶片拍照留存,计算发病率及病情指数。叶片发病分级方法如下:0 级,无病斑;1 级,病斑面积占整片叶面积的 6%以下;3 级,病斑面积占整片叶面积的 6%～25%;5 级,病斑面积占整片叶面积的 26%～50%;7 级,病斑面积占整片叶面积的 51%～75%;9 级,病斑面积占整片叶面积的 75%以上[11]。病情指数计算公式为:

病情指数=[Σ(相对级值×各级发病叶片数)/(调查总叶数×9)]×100。

1.5　数据分析

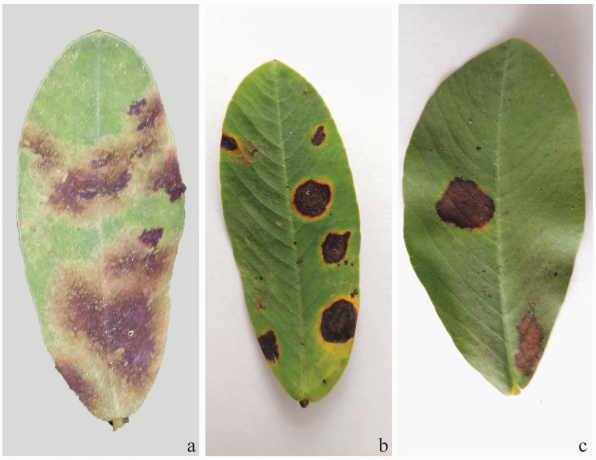
运用 IBM SPSS Statistics 22 软件对文中数据进行单因素方差分析,显著性测验选用 LSD 法。

2　结果与分析

2.1　病害症状描述

调查发现,河南省花生网斑病共可分为 3 种病

斑类型：网纹型、类褐斑型和污斑型（图 1）。三者的病状表现区分较为明显，网纹型：病斑较大，直径 1～2 cm，在叶片正面形成边缘网状扩展，中间为褐色的病斑。病斑不规则，边缘不清晰，一般不穿透叶片，田间发生往往多个病斑连在一起形成更大的病斑，严重时甚至可以遍布整片叶片（图 1a）；类褐斑型：病斑相对较小，直径 0.1～0.5 cm，近圆形，病斑中央黑褐色，边缘清晰，周围有黄色晕圈，可以穿透叶片（图 1b）；污斑型：病斑一般较类褐斑型大，直径 0.4～1 cm，病斑不规则形，黑褐色，边缘清晰，周围无黄色晕圈，可以穿透叶片（图 1c）。



a: 网纹型; b: 类褐斑型; c: 污斑型
a: Type of reticulate elongation; b: Type of brown spot like; c: Type of irregular stain

图 1　花生网斑病 3 种病斑类型

Fig. 1　The three lesion types of peanut web blotch

2014 年－2016 年对花生网斑病的采样结果显示，在河南省境内，花生网斑病的 3 种病斑类型以网纹型分布最广，类褐斑型次之，污斑型分布最少。类褐斑型与污斑型分布地区相对重合，目前仅在新乡、焦作、洛阳和南阳四市范围内采集到病害样本（图 2）；对不同地区 3 种病斑类型的发病率调查数据显示，3 种病斑类型在河南省境内均分别表现为由南向北发病率逐渐升高的趋势，并且随 2014 年至 2016 年的时间顺序，3 种病斑类型田间发病率均分别逐年降低（表 1）。

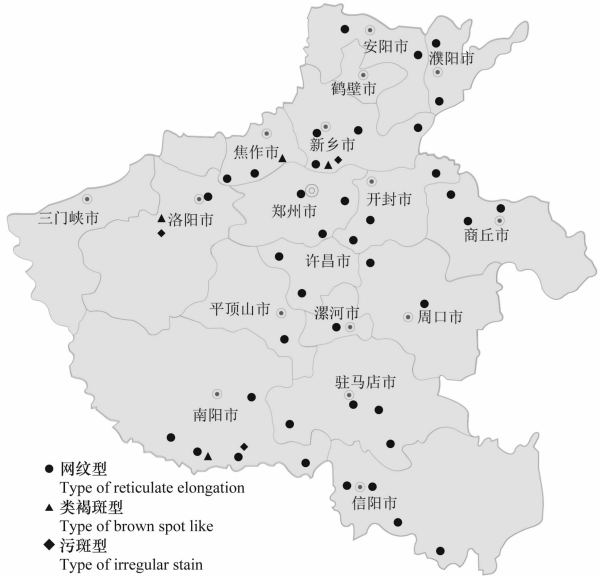


图 2　河南省花生网斑病不同病斑类型的分布

Fig. 2　Distribution of different lesion types of peanut web blotch in Henan Province

表 1　不同病斑类型在不同地区的田间发病率[1)]

Table 1　Field incidence of different lesion types at different cities

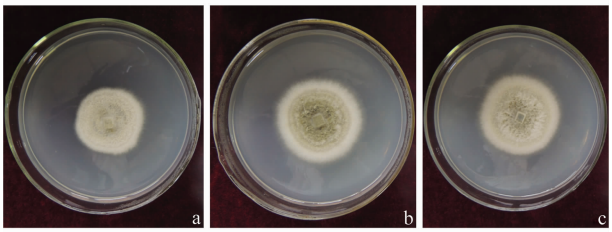
城市 City	发病率/% Incidence								
	网纹型 Type of reticulate elongation			类褐斑型 Type of brown spot like			污斑型 Type of irregular stain		
	2014	2015	2016	2014	2015	2016	2014	2015	2016
新乡 Xinxiang	82.00	41.33	13.00	53.00	37.00	6.00	33.00	38.00	4.00
焦作 Jiaozuo	79.00	40.00	9.50	47.00	33.00	6.00	—	—	—
洛阳 Luoyang	73.00	37.00	7.00	44.00	29.00	5.00	39.00	25.00	4.00
南阳 Nanyang	53.75	8.50	4.75	35.00	7.00	3.00	30.00	7.00	2.00
安阳 Anyang	85.50	42.00	12.50	—	—	—	—	—	—
濮阳 Puyang	84.00	34.50	10.50	—	—	—	—	—	—
郑州 Zhengzhou	80.33	35.00	9.00	—	—	—	—	—	—
开封 Kaifeng	79.00	46.50	12.50	—	—	—	—	—	—
商丘 Shangqiu	76.67	31.67	9.33	—	—	—	—	—	—
许昌 Xuchang	78.00	30.00	7.50	—	—	—	—	—	—
平顶山 Pingdingshan	75.00	28.00	7.00	—	—	—	—	—	—
漯河 Luohe	77.00	29.00	8.00	—	—	—	—	—	—
周口 Zhoukou	74.00	27.50	7.50	—	—	—	—	—	—
驻马店 Zhumadian	66.00	21.50	6.75	—	—	—	—	—	—
信阳 Xinyang	51.25	11.75	6.25	—	—	—	—	—	—

1）表中数据为每市各个采样点的平均发病率；“—”表示在此市未采集到相应花生网斑病病斑类型。
The data are average incidence of all the sampling locations at the same city; “—” indicates that the relevant lesion type was not sampled at this city.

2.2　病原菌鉴定结果

2.2.1　病原菌菌落形态特征

3 种病斑类型的病原菌在 PDA 培养基上的菌落特征存在差异。网纹型病原菌菌丝致密,灰白色,菌落边缘内侧有轮纹;类褐斑型病原菌菌丝较稀疏,菌落中央菌丝浅绿色,外围灰白色,菌落边缘菌丝生长茂盛,内侧有轮纹;污斑型病原菌菌丝致密,灰白色,菌落中央气生菌丝茂盛,菌落边缘菌丝生长茂盛,内侧无轮纹(图 3)。在实验室内相同条件分别继代培养后,3 种病斑类型的病原菌菌落特征稳定。



a: 网纹型; b: 类褐斑型; c: 污斑型
a: Type of reticulate elongation; b: Type of brown spot like; c: Type of irregular stain

图 3　花生网斑病 3 种病斑类型的病原菌在 PDA 上的菌落形态

Fig. 3　Colony morphology of pathogen causing three lesion types of peanut web blotch

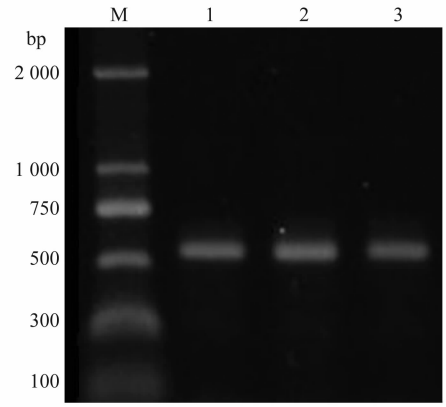
2.2.2　柯赫氏法则验证结果

3 种病斑类型的病原菌均引起花生叶片发病,而相应的清水对照处理的叶片均未发病。接种 15 d 后,3 种病斑类型病原菌接种的花生叶片均分别表现出与原病斑类型一致的症状;分别取 3 种病斑类型的叶片进行再次分离,均获得了与原菌株相同的病原菌,证明 3 个类型的菌株均为花生网斑病的致病菌且回接后叶部症状表现与原病斑类型一致。

2.2.3　病原菌 rDNA-ITS 序列分析结果

利用引物 ITS1/ITS4 分别对 3 种病斑类型的病原菌进行 rDNA-ITS 序列扩增,均扩增出大小为 530 bp 的条带(图 4)。将测序所得序列上传至 NCBI 进行 BLAST 比对分析,结果显示,3 种病斑类型的病原菌均与 GenBank 登录号为 JX898682 的花生派伦霉 *Peyronellaea arachidicola*,即目前普遍被学者接受的花生茎点霉 *Phoma arachidicola* 序列相似性达到 99%,因此鉴定 3 种病斑类型的病原菌均为花生派伦霉 *Peyronellaea arachidicola*。

基于 3 种病斑类型病原菌的 ITS 序列,用 Clustal X(1.83)[12] 多序列对位排列程序对 3 个序列进行对位排列,由分析结果可知,3 种病斑类型病原菌的 ITS 序列完全一致。



M: DL2000 DNA Marker; 1~3: 3种病斑类型病原菌扩增产物
M: DL2000 DNA Marker; 1-3: PCR products of pathogen causing three lesion types

图 4　三种病斑类型病原菌 ITS 序列 PCR 扩增产物电泳图

Fig. 4　rDNA-ITS products of *Peyronellaea arachidicola*

2.3　不同病斑类型病原菌菌株的致病力

通过菌丝悬浮液涂抹接种法,将花生网斑病 3 种不同病斑类型的病原菌菌株分别接种在 6 个河南省花生主栽品种上,对菌株的致病性进行测定。接种 7 d 后,网纹型病原菌菌株接种叶片上显现不规则的黑色小病斑,病斑边缘不明显且呈不规则网状延伸;类褐斑型病原菌菌株接种叶片上显现近圆形褪绿斑,随着病斑发展,病斑中央褐色,周围有黄色晕圈;污斑型病原菌菌株接种叶片上显现不规则的黑色病斑,病斑中央黑色,边缘分界明显。

不同病斑类型的病原菌菌株对不同的花生品种表现出不同的致病力(表 2)。接种网纹型菌株的 6 个花生品种全部发病,其中发病率最高为'豫花 9327',达 95.00%,病情指数最高为'开农 1760'(17.78),发病率与病情指数最低均为'远杂 9102';接种类褐斑型菌株的花生品种中,除'兴花 6 号'没有发病外,其他 5 个品种均发病,'远杂 9102'上的发病率与病情指数分别为 10.00%和 0.56,相较其他品种均较低,发病率与病情指数最高均为'豫花 22';接种污斑型菌株的 6 个花生品种全部发病,其中发病率与病情指数最高均为'开农 1760',分别为 90.00%和 22.22,最低均为'远杂 9102',分别为 50.00%和 9.36。另外,除接种类褐斑型菌株的'豫花 22'上发病率与病情指数均高于接种网纹型的菌株外,其他品种上均表现为接种类褐斑型菌株的发病率和病情指数最低。

表 2 不同病斑类型病原菌菌株的致病性[1)]

Table 2 Pathogenicity of pathogens isolated from the diseased samples with different lesion types

品种 Variety	网纹型 Type of reticulate elongation		类褐斑型 Type of brown spot like		污斑型 Type of irregular stain	
	发病率/% Incidence	病情指数 Disease index	发病率/% Incidence	病情指数 Disease index	发病率/% Incidence	病情指数 Disease index
开农 1760	(80.00±5.77)bA	(17.78±1.09)aA	(30.00±4.04)cB	(3.89±1.06)bB	(90.00±5.37)aA	(22.22±1.65)aA
兴花 6 号	(90.00±5.60)abA	(16.11±0.84)abA	(0.00±0.00)dC	(0.00±0.00)cC	(70.00±4.62)bB	(10.00±0.64)cB
豫花 9327	(95.00±2.48)aA	(13.45±1.44)bA	(55.00±3.29)bC	(6.11±1.01)bB	(70.00±4.04)bB	(13.33±0.97)bA
豫花 22	(56.25±3.78)cB	(9.72±0.74)cB	(87.50±6.06)aA	(18.06±1.57)aA	(87.50±5.48)aA	(20.83±1.10)aA
豫花 15	(45.00±3.46)cB	(6.11±0.68)dB	(20.00±2.89)cdC	(3.89±0.52)bB	(85.00±3.87)aA	(14.44±0.73)bA
远杂 9102	(15.00±1.44)dB	(1.67±0.41)eB	(10.00±1.15)dB	(0.56±0.10)cB	(50.00±3.58)cA	(9.36±0.40)cA

1) 不同大写字母代表同一品种不同病斑类型间在 0.05 水平差异显著;不同小写字母代表同一病斑类型不同品种间在 0.05 水平差异显著。Different capital letters indicate significant differences among different lesion types of same peanut cultivar at 0.05 level. Different lowercase letters indicate significant differences among different peanut cultivars of same lesion type at 0.05 level.

3 结论与讨论

目前,文献报道的花生网斑病田间表现型通常有两种:一是污斑型,病斑较小,近圆形,周围有黄色晕圈;另一种是网纹型,病斑较大,病斑网纹状或星芒状,病斑不规则形,边缘不清晰,周围无黄色晕圈[13]。本研究通过田间采样调查,发现一种新的花生网斑病的病斑类型,病状表现为病斑相对较小,不规则形,边缘清晰,周围无黄色晕圈。经室内分离、柯赫氏法则验证及 ITS 测序,证实新发现病斑类型确为花生网斑病所致病症。文献表述的污斑型周围有黄色晕圈,在田间识别时与花生褐斑病难以区分;本文新发现病斑类型周围虽无明显黄色晕圈,但其余特征均与文献报道污斑型病状相似。因此,为更好指导田间花生网斑病识别,本文拟将之前文献报道原污斑型改为类褐斑型,新发现病斑类型拟定为污斑型,网纹型保持不变,即花生网斑病病斑的 3 种表现类型:网纹型、类褐斑型和污斑型。基于本研究中 2014 年至 2016 年花生网斑病病斑类型的调查数据,3 种病斑类型在河南省境内 3 年内均分别表现为由南向北发病率逐渐升高的趋势,说明花生网斑病近 3 年来在河南省的发病规模正不断扩大,对 3 种病斑类型在地理上的发病趋势还有待进一步深入研究。

一直以来,关于花生网斑病病原菌的属级分类比较混乱。自 1974 年西方学者 Marasas 等在南非发现花生网斑病并据其形态学特征将该菌定名为茎点霉属一新种——花生茎点霉 *Phoma arachidicola* Marasas, Pauer & Boerema[7] 以来,针对该菌曾陆续有过 *Mycosphaerella arachidicola* Chochrjakov, *M. argentinensis* Frezzi, *Didymella arachidicola* (Chochrjakov) Tomilin, *D. arachidicola* (Chochrjakov) Taber, Pettit & Philley 和 *Didymosphaeria arachidicola* (Chochrjakov) Alcorn, Punithalingam & McCarthy 的不同命名[14]。随着近代分子生物学技术的发展,2010 年 Aveskamp 等[8] 通过对茎点霉属真菌进行系统发育分析,将原来茎点霉属 *Phoma* 下的派伦霉 *Peyronellaea* 节(section)及另外一些节的真菌归类并升为派伦霉属,花生网斑病病原菌即被划至此属内。因此,本文中花生网斑病病原菌使用拉丁学名为 *Peyronellaea arachidicola*。

对不同病斑类型菌株致病力研究结果表明,同一病斑类型菌株对不同花生品种的致病力差异明显。以田间危害范围最广的网纹型菌株为例,网纹型菌株对'开农 1760'、'兴花 6 号'和'豫花 9327'的致病力相对较强,而对'豫花 22'、'豫花 15'和'远杂 9102'的致病力相对较弱。综合分析 3 种病斑类型对不同品种的致病力,可知'远杂 9102'为对 3 种病斑类型菌株抗性均较好的花生品种。此外,不同病斑类型菌株对同一花生品种的致病力差异也十分明显,在'开农 1760'、'豫花 15'及'远杂 9102'上均表现为污斑型>网纹型>类褐斑型;在'兴花 6 号'和'豫花 9327'上表现为网纹型>污斑型>类褐斑型;而在'豫花 22'上,污斑型菌株的致病力最强,类褐斑型次之,网纹型最弱。这说明在供试的 6 个花生品种中,除'豫花 22'外,污斑型和网纹型的致病力均明显大于类褐斑型。董炜博等鉴定了来自中国山东、河南、辽宁、湖北和美国的 20 多个花生品种(系)

对花生叶部病害的抗性[15],袁虹霞等测定了河南 13 个花生品种(系)对褐斑病、黑斑病和网斑病的抗性[16],结果均表明供试品种中缺乏免疫和高抗花生网斑病的花生品种(系)。近年来,花生网斑病的发生危害规模逐渐增大,危害程度逐年加深,加之抗性品种(系)相对缺乏,因此生产上急需一批抗性良好的花生品种(系)来改善花生生产现状。本文结合花生网斑病病斑类型分布特点,分病斑类型进行花生抗性品种(系)的筛选,将为花生抗性品种(系)选育及品种推广提供一种新的思路。

本文研究结果明确了田间花生网斑病的 3 种不同病斑类型以及其在河南省各地区的分布情况,这极大地方便了花生网斑病的田间识别调查。同时还创造性地对 3 种不同病斑类型病原菌菌株开展了致病力差异研究,为更好地研究花生网斑病发生发展规律、田间防治及花生品种推广提供了重要的理论依据。

参考文献

[1] 刘博文,刘晓庚. 浅谈中国花生产业发展的优势与策略[J]. 粮食科技与经济,2011,36(1):9-11.

[2] 中华人民共和国农业部. 中国农业年鉴[M]. 北京:中国农业出版社,2001-2015.

[3] 中华人民共和国统计局. 中国统计年鉴[M]. 北京:中国统计出版社,2011-2016.

[4] 李君彦,李有志. 陕西省花生网斑病病原菌的研究[J]. 花生科技,1991,9(1):1-6.

[5] 徐秀娟,石延茂. 不同时期使用农抗 120 控制花生网斑病侵染的试验研究[J]. 生物防治通报,1993,9(4):167-169.

[6] 徐秀娟,石延茂. 花生网斑病主要发生因子的关联性研究[J]. 山东农业大学学报,1992,23(4):430-434.

[7] MARASAS W F O, PAUER G D, BOEREMA G H. A serious leaf blotch disease of groundnuts (*Arachis hypogaea* L.) in Southern Africa caused by *Phoma arachidicola* sp. nov [J]. Phytophylactica,1974,6(3):195-202.

[8] AVESKAMP M M, DE GRUYTER J, WOUDENBERG J H C, et al. Highlights of the Didymellaceae: A polyphasic approach to characterise *Phoma* and related pleosporalean genera [J]. Studies in Mycology,2010,65:1-60.

[9] 郭英兰,刘锡琎. 中国真菌志(第二十卷)[M]. 北京:科学出版社,2003.

[10] KEITH S, GARETH M J, WALTER G, et al. The genera of Hyphomycetes[M]. The Netherlands: CBS-KNAW Fungal Biodiversity Center: 2011: 145-147, 303-304, 331-332.

[11] 郭小强,李翔,赵志强,等. 不同杀菌剂对花生叶斑病防治效果及产量影响的研究[J]. 花生学报, 2014, 43(1): 56-60.

[12] THOMPSON J D, GIBSON T J, PLEWNIAK F, et al. The CLUSTAL_X windows interface: Flexible strategies for multiple sequence alignment aided by quality analysis tools [J]. Nucleic Acids Research, 1997,25(24):4876-4882.

[13] 徐秀娟. 中国花生病虫鼠害(第二章)[M]. 北京:中国农业出版社,2009.

[14] VAN WYK P S, DE JONG F M, MARASAS W F O, et al. Ultrastructure of ascus development in the teleomorph of *Phoma arachidicola*[J]. 1987,89(2):260-263.

[15] 董炜博,石延茂,赵志强. 花生品种(系)叶部病害综合抗性鉴定[J]. 中国油料作物学报,2000,22(3):71-74.

[16] 袁虹霞,孙炳剑,李洪连,等. 花生品种(系)对叶斑病的抗性鉴定[J]. 河南农业科学,2004(12):35-38.

(责任编辑: 杨明丽)

(上接 145 页)

[17] HEAP I. International survey of herbicide resistant weeds [DB/OL]. (2017-6-20), http://www.weedscience.org/.

[18] IWAKAMI S, WATANABE H, MIURA T, et al. Occurrence of sulfonylurea resistance in *Sagittaria trifolia*, a basal monocot species, based on target-site and non-target-site resistance [J]. Weed Biology and Management, 2014, 14(1): 43-49.

[19] YU Q, HAN H, LI M, et al. Resistance evaluation for herbicide resistance-endowing acetolactate synthase (ALS) gene mutations using *Raphanus raphanistrum* populations homozygous for specific ALS mutations [J]. Weed Research,2012,52(2): 178-186.

[20] SADA Y, IKEDA H, KIZAWA S. Resistance levels of sulfonylurea-resistant *Schoenoplectus juncoides* (Roxb.) Palla with various Pro197 mutations in acetolactate synthase to imazosulfuron, bensulfuron-methyl, metsulfuron-methyl and imazaquin-ammonium [J]. Weed Biology and Management,2013,13(2): 53-61.

[21] DENG Wei, YANG Qian, ZHANG Yongzhi, et al. Cross-resistance patterns to acetolactate synthase (ALS)-inhibiting herbicides of flixweed (*Descurainia sophia* L.) conferred by different combinations of ALS isozymes with a Pro-197-Thr mutation or a novel Trp-574-Leu mutation [J]. Pesticide Biochemistry and Physiology,2017,136:41-45.

[22] XIA Wenwen, PAN Lang, LI Jun, et al. Molecular basis of ALS-and/or ACCase-inhibitor resistance in shortawn foxtail (*Alopecurus aequalis* Sobol.)[J]. Pesticide Biochemistry and Physiology,2015,122:76-80.

(责任编辑: 杨明丽)