小豆病害研究进展

亚秀秀， 周桂梅， 陈 健， 刘振兴*

（唐山市农业科学研究院，唐山 063000）

摘要 小豆是我国重要的食用豆类作物，病害是限制小豆产量和品质的重要因素。本文旨在对小豆主要病害的研究进展进行综述，明确主要病害的种类、特征、病原菌的鉴定、抗性种质资源的筛选、抗性基因的定位以及绿色防治药剂筛选等方面的进展，并对小豆病害研究未来发展方向进行展望，以期为小豆病害的研究及防治提供参考。

关键词 小豆； 病害； 研究进展； 发展方向

中图分类号： S 435.21 **文献标识码：** A **DOI：** 10.16688/j.zwbh.2018350

Research advances in the diseases of adzuki bean

YA Xiuxiu， ZHOU Guimei， CHEN Jian， LIU Zhenxing

（*Tangshan Academy of Agricultural Sciences*，*Tangshan* 063000，*China*）

Abstract Adzuki bean is an important food legume crop in China, and the disease is an important factor limiting the yield and quality of adzuki bean. This paper reviewed the research advances in the main diseases of adzuki bean, including the types of the main diseases, their characteristics, identification of the pathogens, screening of resistant germplasms, positioning of the resistance gene and screening of environment-friendly pesticides, and the future prospects of adzuki bean diseases were also forecasted, so as to provide a theoretical basis for adzuki bean disease control.

Key words adzuki bean； disease； research advance； development direction

小豆 *Vigna angularis* 属于豆科豇豆属的一个栽培种，大多数小豆品种种皮颜色都是红色，故又称红小豆、红豆、赤豆、赤小豆等[1]。小豆属于医食同源的作物，是高蛋白低脂肪的优质食物，同时对人体有显著的抗氧化、护肝护肾、辅助治疗糖尿病、抗癌、降血压降胆固醇、抗菌抗病毒作用[2]。小豆生育期短，固氮养地，耐瘠耐阴，可与大宗作物进行间作、套种。现今世界种植小豆的国家有 30 多个，中国种植的面积最大，常年保持在 70 万 hm^2 左右，日本与韩国次之[3]。中国也是小豆生产量和出口量最大的国家之一，生产量每年达到 40 万 t，出口量达到 7 万 t[4]。因此小豆是我国农业高效发展不可或缺的一部分。然而病害是致使小豆减产与品质降低的重要原因，小豆病害主要由真菌、细菌或者病毒引起，据调查，我国小豆产区流行病害主要有叶斑病、锈病、白粉病、疫霉茎腐病、病毒病等。本文旨在综述小豆主要病害的研究进展，为广大科研工作者提供借鉴。

1 小豆尾孢叶斑病

尾孢叶斑病在我国北京、天津、河北、山东、安徽等小豆主产区最为严重[5]。病菌主要侵害小豆叶片，严重时茎和荚也受影响，感病植株叶片先出现针尖大小的斑点，多沿叶脉扩展成为不规则形状角斑，发病时期常在开花期、结荚期，尤其是结荚期高温多雨的环境，会大大促进叶斑病发生与流行，导致植株落叶严重，造成小豆严重减产甚至颗粒无收[6]。中国小豆尾孢叶斑病病原菌主要是变灰尾孢菌 *Cercospora canescens*[7]。

有关小豆尾孢叶斑病抗性鉴定与种质资源筛选有一些报道。1987－1989 年陈良弼等[8]对 1 000 份小豆资源进行抗叶斑病鉴定，筛选得到 7 个抗叶斑病资源，有 131 个小豆资源表现为中抗及以上。1991－1995 年陈良弼等[5]利用人工接种的方法鉴定了我国小豆主产区的 1 040 份小豆资源对尾孢菌叶

收稿日期： 2018－08－08 **修订日期：** 2018－09－30
基金项目： 国家食用豆产业技术体系(CARS-08-Z3)；唐山市科技计划项目(18120204A)
* 通信作者 E-mail：tsnkylzx@163.com

斑病的抗性,北京红小豆‘B3698’表现中抗,且小豆的抗病性随小豆资源来源纬度的降低而增强。随后2000 年魏淑红[9]对全国的 2 040 份小豆资源进行抗尾孢菌叶斑病鉴定,鉴定出一份抗性资源‘B1494’,以及‘B0093’等 3 份中抗资源和‘B0880’等 10 份耐病品种。目前,对于病害防治研究较少,有必要筛选针对小豆尾孢菌叶斑病高效防治的绿色药剂。

2　小豆锈病

锈病主要侵害叶片,叶片初期会产生褪绿斑点,而后斑点演变成红褐色,一般成株期发病,染病后,在叶片背面形成夏孢子堆,到 8 月底形成冬孢子堆在病残体上越冬,第二年病体上的冬孢子在苗期形成初侵染源,温度适宜时迅速产生夏孢子再次侵染,病情严重会造成叶片枯死,籽粒干瘪,造成减产甚至绝收[6,10]。Lindgren 等研究表明,菜豆锈病等级严重程度增加 1%,产量降低 19 kg/hm^2[11]。2007 年王晓梅等[12]对小豆锈病菌的分布进行研究,发现其空间分布型为聚集分布,从流行学角度看,锈病菌的孢子随空气传播的距离近,锈病聚集指数接近于 1,因而虽是聚集分布,但接近于随机分布。

引起小豆锈病的病原菌不同学者有不同的结果,2014 年支叶等[13]从黑龙江省牡丹江市(3 个品种)、萝北县和内蒙古自治区呼和浩特市小豆田采集了 5 份锈病菌样,通过比较夏孢子与冬孢子的形态、对不同来源的锈病进行 ITS 分析后,将小豆锈病病原菌鉴定为小豆单胞锈菌 *Uromyces adzukicola*。2015 年郑素娇等[14-15]以分离自黑龙江省大庆市林甸县小豆田的锈病病菌纯化株 ZXL01 为研究材料,通过对菌株进行形态学观察、ITS 序列分析和以豇豆单胞锈和疣顶单胞锈的多态性引物对菌株 ZXL01 进行特异性分析,将 ZXL01 鉴定为豇豆单胞锈菌 *U. vignae* 小豆专化型,并阐明了 ZXL01 在小豆植株上侵染及越冬的过程。2017 年韩冬等[16]发现 ZXL01 菌株夏孢子以水琼脂方法萌发效果最好,2 h 开始萌发,6 h后萌发率可达到 75%,萌发温度 15～25℃,最佳萌发温度 20℃。

抗锈病种质资源的鉴定与筛选方面,1986－1989 年曹如槐等[17]对来自我国小豆主产区的 1 003 份小豆品种资源进行锈病抗性鉴定,经鉴定表现高抗锈病的品种有‘B_{766}’、‘B_{767}’、‘B_{774}’等 7 份,抗病品种有‘B_{1484}’、‘B_{1485}’、‘B_{1488}’等 5 份,中抗品种有‘B_{731}’、‘B_{732}’、‘B_{867}’等 10 份。1993 年陈良弼[18]研究发现云南福贡红小豆对锈病表现高抗,兼抗叶斑病。2017 年韩冬[3]对 85 份小豆资源进行抗锈病评价,筛选出免疫资源 2 份、高抗 16 份、中抗 10 份。

1996 年金文林等[19]以抗锈病、抗白粉病品种‘S5033’与感病品种‘京农 2 号’为亲本杂交创建 F_1、F_2 群体,研究锈病的遗传规律,研究表明锈病只受一对基因控制,抗病为显性,感病为隐性,抗锈病的表达还存在增强子与削弱子的修饰作用。2013 年郭溦[20]以母本‘泾川红小豆-2’,父本‘冀红 1 号’杂交系谱选育出‘陇红小豆 1 号’,该品种高抗锈病,较抗叶斑病。

大量施用化学杀菌剂带来了严重的农业污染,绿色防治势在必行。2017 年申永强[21]利用 4 种化学诱导剂对感染豇豆单孢锈菌株 ZXL01 的红小豆品种‘宝清红’进行抗锈病诱导,以期解析植物内部抗锈病相关蛋白表达作用,更好地利用植物内源激素来防治锈病,研究表明 0.2 mmol/L 褪黑素(melatonin,MT)诱导效果最好,防治效果达到 61.5%,诱导后荧光定量 PCR 显示 CHI、GLU、PR1 和 PR5 等锈病相关蛋白表达量明显高于未诱导植株中的表达量。

3　小豆白粉病

白粉病主要侵害小豆叶片、茎、豆荚,发病初期在叶片上出现褪绿斑点,而后在叶表面生长出白色菌丝与分生孢子。若此时田间植株密度大、环境潮湿、通风差、光照弱,氮肥施用多等,则会迅速导致植株全身附着一层白色粉状物,使植株光合作用受到影响,植株开花不正常或不开花,造成减产,白粉病在每个生长阶段都可能发生。病菌传播是以闭囊壳的形式在植物病残体上过冬,外界温度适宜时(16～24℃)子囊孢子萌发侵染叶片,而后叶片上产生分生孢子随风扩散传播。

引起小豆白粉病的病原菌为蓼白粉菌 *Erysiphe polygony* DC 与黄芪单囊菌 *Sphaerotheca astragali* Junell var. *astragali*[6,22]。豆科植物有很多是白粉病病原菌的寄主,病原菌随着区域的不同而不同,因此小豆白粉病的病原菌分区鉴定及相关病理机制亟待更多学者的研究。

1996 年金文林等[19]对小豆抗白粉病遗传规律进行了研究,发现抗白粉病性状受一对基因控制,且抗病为显性,感病为隐性,品种‘S5033’基因组含有抗白粉病的基因,‘京农 2 号’基因组具有感病基因。1997 年俞少帆等[23]对 500 份小豆资源人工接种白

粉菌进行抗性等级鉴定，一共筛选出高抗病小豆品种21份，其中免疫品种7份。抗白粉病种质创新方面，1992－1998年金文林等[24]利用γ射线半致死量照射方法对‘京农2号’等20份小豆资源进行品种改良，最终获得比‘京农2号’更高产、大粒、抗叶斑病与锈病的品种‘京农5号’。2016年北京农学院利用化学突变的方法育成‘京农26号’[25]，该品种高抗白粉病，同时也抗病毒病与叶斑病。

有关小麦、果树、蔬菜上的白粉病研究较多，但是小豆上相关研究较少，随着分子生物技术的发展，今后应加大对于白粉病抗病机制以及相关基因定位的研究，加快抗白粉病品种选育。

4 小豆疫霉茎腐病

疫霉病是由疫霉引起的一类土传植物病害[26]。病菌以卵孢子在土壤中过冬，当外界环境合适时卵孢子萌发产生游动孢子侵害植物叶片与茎部发病，发病初期靠近根部的叶片上先形成水渍状斑点，逐渐扩大形成红褐色病斑并蔓延至植物茎部，形成灰绿色茎部病斑，严重时病菌可环剥全茎，造成苗期植株猝倒与成株期死亡，从而致使小豆减产[6]。研究表明疫霉茎腐病在温暖、潮湿的环境下，最高可造成小豆产量降低60%[27]。

1976－1977年Kitazawa等[28]在日本北海道发现了一种小豆疫霉茎腐病，病原菌鉴定为豇豆疫霉*P. vignae* Purss，症状为茎部出现红褐色条纹状病变，感病植株最终枯萎死亡，参试17个小豆品种中，豇豆疫霉可侵染3个，14个品种不被侵染。之后1986年Tsuchiya等[29]对分离自豇豆与小豆的疫霉茎腐病病原菌的致病性进行研究，将分离自小豆的病原菌鉴定为小豆专化型*P. vignae* f. sp. *adzukicola*，分离自豇豆的病原菌鉴定为豇豆专化型*P. vignae* f. sp. *vignae*。1999年朱振东等[27]首次在我国黑龙江省合江地区农科所一株小豆材料上发现疫霉茎腐病，病原菌鉴定为豇豆疫霉病小豆专化型，并通过室内菌丝接种试验筛选出7份抗疫霉茎腐病小豆材料。

2003年Notsu等[30]报道了在日本北海道中部和西部发现的一种新的疫病，疫霉菌从新品系‘Syumari’植株中分离得到，小豆品种‘Syumari’对疫霉菌的第1、2、3小种均有抗性，因此鉴定此为疫霉菌第4小种。Kondo等[31]1999年至2001年期间，共收集了日本63个病区的107个疫霉茎腐病分离株，经病理类型评估，26、52、28个分离株分别被鉴定为第1、第3、第4小种，第4小种分布最广，常见于北海道中部与西部。2005年Kondo等[32]对19个豇豆疫霉小豆专化型分离物与3个豇豆专化型疫霉分离物进行ITS1序列分析，解析了生理小种间系统发育关系，明确了小豆专化型与豇豆专化型的关系，并检测豇豆疫霉小豆专化型与其他种群的联系，检测发现不同专化型的代表菌株具有高度保守性（相似度＞98.7%），研究结果表明豇豆疫霉属于单系种群。

2009年Harada等[33]对红小豆中植物抗毒素研究，通过评价分离自小豆的基维酮（kievitone）等7种化合物在感染豇豆疫霉时引起的反应及其抗真菌活性，利用豇豆疫霉悬浮液侵染小豆上胚轴伤口，接种真菌48 h后小豆中基维酮与dalbergioidin水平显著高于未接种的对照，且基维酮对真菌囊状游动孢子有强烈抑制作用，dalbergioidin有轻微抑制作用，基维酮与dalbergioidin是小豆上抗豇豆疫霉小豆专化型的植物性激素。

5 小豆病毒病

小豆病毒病是影响小豆生产最严重的病害之一，田间症状表现为花叶、斑驳、皱缩、卷曲等，若小豆生育前期感染，严重影响植株生长，最高可造成小豆减产80%[6]。

有关病毒病病原鉴定的研究，1985年陆天相等[34]对来自38份病株的8 502个分离物进行病毒病的病原鉴定，证实黄瓜花叶病毒（CMV）是红小豆病毒病的主要病毒种类之一。赵国防[35]利用酶联免疫吸附法（ELISA）鉴定出天津地区小豆病毒病病原种类有CMV、苜蓿花叶病毒（AMV）、豇豆蚜传花叶病毒（CAbMV）和蚕豆萎蔫病毒（BBWV），天津周边地区病毒病病原主要是CMV和CAbMV，占比46.83%和40.80%，复合侵染率达到16.95%。1990年Lizuka等[36]从小豆中分离出6种病毒，CMV、小豆花叶病毒（AzMV）、菜豆普通花叶病毒（BCMV）、豆类黄化花叶病毒（BYMV）、豇豆黑眼病毒（BlCMV）和木薯叶病毒（AMV），田间试验发现，CMV致小豆减产18%～25%，AzMV致小豆减产3.5%～93%，BlCMV致小豆减产33%，AMV致小豆减产70%，通过田间抗性鉴定，在251份小豆品种中筛选出23份高抗病毒病品种。1992年郭京泽等[37]同样发现河北赤豆病毒分离物为豇豆黑眼花叶病毒（BICMV）。

有关抗病毒病基因克隆研究,2009 年陈新等[38]根据植物抗病基因 PR 保守序列,在小豆‘56 号’中克隆了 *PVPR*2、*PVPR*1 同源基因,命名为 *VaPR*3,大豆花叶病毒(SMV)接种到小豆叶片后 *VaPR*3 基因强烈响应并高效表达,RT-PCR 表明 *VaPR*3 基因在各组织中均表达,根中量最少,显示 *VaPR*3 为抗病毒病相关基因。2013 年陈新等[39]利用简并引物在抗病毒病小豆材料‘JS0056’中克隆了几丁质酶同源基因 *VaAC*1,*VaAC*1 基因在小豆根、茎和叶中均有表达,叶中的表达相对较高,SMV 处理后,*VaAC*1 基因在叶中的表达量显著增强,综合结果表明小豆 *VaAC*1 基因与抗病毒病机制密切相关。

2015 年陈新等[40]利用侵染力不同的两个 SMV 株系 SC3(弱毒)和 SC15(强毒),接种 137 个小豆品种,50 个品种发病,其中 40 个品种接种 SC3 后发病,26 个品种接种 SC15 后发病,16 个品种接种 SC3、SC15 后均发病,发病症状均出现花叶,个别矮缩、坏死,影响植株光合作用,SC3 与 SC15 株系之间的发病品种数量无明显差异,表明病毒的侵染范围与病毒的侵染力强弱无必然关系,与寄主相关。2017 年刘振兴等[4]对 7 种防治小豆病毒病的药剂进行筛选,结果显示抗病毒剂 AS 防治及增产效果最好,可增加产量 36.93%,病情防控达 59.63%,生产中可推广用于防治小豆病毒病。

6　小豆其他病害

2012 年贾明洁[41]对吉林省试验地红小豆材料上的细菌性叶枯病病原菌进行鉴定,结果显示此病害病原菌为成团泛菌 *Pantoea agglomerans*,筛选抑制该病原菌的药剂,发现了 17 种药剂具有效果,恩诺沙星效果最好。2014 年王成等[42]以小豆‘小丰 2 号’为材料,筛选高效细菌性病害防治药剂,结果显示 72%农用链霉素可溶粉剂 1 000 倍液对小豆细菌性病害防效最佳,发病初期防效大于 80%,停喷后 14 d,防效可达 76.5%,产量可增加 52.0%。

2011 年 Sun 等[43]首次在北京与河北田间生长的红小豆上发现茎腐症状,从受感染的红豆植株中提取了 4 个分离菌株,基于它们的核糖体 DNA 内转录间隔区(rDNA-ITS)区域形态学、序列和 PCR-RFLP 分析被鉴定属于茄立枯丝核菌 *Rhizoctonia solani* 的 AG4 HGI 融合群,菌株致病性研究显示 4 个分离株能引起红小豆严重的萎蔫病症状,与田间观察相似,分离株还可侵染其他几种作物,并能在根和茎的基部引起腐烂。2014 年 Sun 等[44]在北京市房山区和山西省榆林市小豆上观察到类似炭腐病的症状,通过特异性引物检测和核糖体 DNA-ITS 序列分析,鉴定出 4 个真菌分离物,均为菜豆壳球孢菌 *Macrophomina phaseolina*(Tassi),来自不同宿主的菜豆壳球孢菌序列(>60M)具有 99%的同一性,室内接种致病菌症状与田间相似,开始变枯萎,茎上出现暗色菌核,这是首次报道菜豆壳球孢菌引起小豆的炭腐病。

7　研究前景与展望

防治小豆病害的基本思路是选育优质的小豆抗病品种、筛选防治病害的绿色药剂等,保证环境友好的同时提高小豆的产量。随着对小豆病害研究的进一步深入,人们对小豆病害种类、发病特征、地域分布以及致病菌都有了一定的了解,但是仍然有很多方面需要进一步研究。1) 鉴定抗病种质、筛选优质多抗性育种资源。在日本早已开展了多抗性小豆的研究,小豆品种‘Acc259’可以兼抗褐茎腐病的第 1、2 生理小种[45],小豆品种‘Syumari’兼抗枯萎病、茎腐病等 3 种病,高效增产,被农民广泛种植,对病害的预防起到了良好的效果[46]。2) 抗病相关基因的发掘与种质创新。关于小豆主要病害发病机制、相关抗病基因的定位以及基因的克隆、转基因技术的应用方面的研究都很少,随着生物技术的不断发展,小豆病害抗性基因的发掘与利用将是未来抗病育种发展的重要方向。陈红霖等[47]精细定位抗豆象基因 *VrPGIP*(编码多聚半乳糖醛酸酶抑制蛋白 polygalacturonase inhibiting protein,PGIP),筛选出了与抗豆象基因 *VrPGIP* 共分离的标记,标记为 Vr05-5590 和 Vr05-5597,与绿豆抗豆象基因 *VrPGIP* 的物理距离分别为 1.5 kb 和 850 bp,利用分子标记辅助‘中绿 3 号’、‘中绿 5 号’等抗豆象抗叶斑病新品种的育种工作,抗豆象品种属于国际首创。抗病基因的获得对深入了解植物抗病机制及后期进行基因聚合育种研究将具有非常重要的意义。3) 小豆主要病害绿色防控技术研究。对于植物病害的绿色防控技术的研究将会大大降低对农业环境造成的污染,“节本增效”的概念对于农业的发展变得越来越重要。已有学者进行了小豆生物药剂、生物诱导剂的筛选工作[21,41]。对豇豆上豆荚螟的绿色防控技术已有研究,使用防虫网与杀虫灯,同化学防治相比可增产 9.3%[48]。水稻、玉米、小麦等作物都已经

开展了病虫害绿色防控方面的研究[49-51]。小豆主要病害的绿色综合防治技术的研究与推广是促进国家食用豆种植业蓬勃发展的重要手段与必然要求。

参考文献

[1] 林汝法,柴岩,廖琴. 中国小杂粮[M]. 北京:中国农业科学技术出版社,2002.

[2] 李家磊,姚鑫淼,卢淑雯,等. 红小豆保健价值研究进展[J]. 粮食与油脂,2014,27(2):12-15.

[3] 韩冬. 抗锈病红小豆品种筛选及抗病机理研究[D]. 大庆:黑龙江八一农垦大学,2017.

[4] 刘振兴,周桂梅,陈健,等. 不同药剂对小豆花叶病毒病防治效果研究[J]. 作物杂志,2017(4):165-168.

[5] 陈良弼,魏淑红. 小豆种质资源抗尾孢菌叶斑病鉴定研究[J]. 作物品种资源,1992(1):28-29.

[6] 王晓鸣,金达生,列顿 R. 小豆病虫害鉴别与防治[M]. 北京:中国农业科学技术出版社,2000.

[7] 魏淑红. 小豆叶斑病研究简报[J]. 黑龙江农业科学,1991(1):51-52.

[8] 陈良弼,魏淑红. 小豆叶斑病抗性鉴定[J]. 黑龙江农业科学,1991(1):49-51.

[9] 魏淑红. 全国小豆种质资源抗尾孢菌叶斑病鉴定研究[J]. 黑龙江农业科学,2000(3):20-21.

[10] 赵利军,刘春华,肖忠影. 青冈县红小豆常见病虫害的发生与防治[J]. 现代农业科技,2017(6):138-138.

[11] LINDGREN D T, ESKRIDGE K M, STEADMAN J R, et al. A model for dry bean yield loss due to rust [J]. Horttechnology, 1995, 5(1): 35-37.

[12] 王晓梅,臧东初,崔长军,等. 玉米锈病和小豆锈病的空间分布型研究[J]. 吉林农业大学学报,2007,29(5):488-490.

[13] 支叶,段灿星,孙素丽,等. 小豆锈病病原菌鉴定[J]. 植物病理学报,2014,44(6):581-585.

[14] 郑素娇,柯希望,殷丽华,等. 黑龙江省一株红小豆锈病病原菌鉴定[J]. 微生物学报,2015,55(4):425-432.

[15] 郑素娇. 红小豆锈病菌鉴定和越冬及侵染过程的研究[D]. 大庆:黑龙江八一农垦大学,2015.

[16] 韩冬,张洪臣,柯希望,等. 红小豆锈病菌夏孢子萌发条件研究[J]. 黑龙江八一农垦大学学报,2017,29(4):11-15.

[17] 曹如槐,王晓玲,南城虎,等. 小豆种质资源对锈病的抗性鉴定研究[J]. 植物病理学报,1991,21(3):180.

[18] 陈良弼. 兼抗叶斑病和锈病的云南福贡红小豆[J]. 中国种业,1993(1):48.

[19] 金文林,喻少帆,张清润,等. 小豆锈病、白粉病及褐斑病的抗性基因遗传分析[J]. 北京农学院学报,1996,11(1):1-9.

[20] 郭溦. 红小豆新品种陇红小豆 1 号选育报告[J]. 甘肃农业科技,2013(9):8-9.

[21] 申永强. 红小豆抗锈病诱导剂筛选及其诱导机理研究[D]. 大庆:黑龙江八一农垦大学,2017.

[22] 姜文涛. 吉林省白粉菌分类及区系研究[D]. 长春:吉林农业大学,2012.

[23] 喻少帆,金文林,张清润,等. 小豆种质资源抗白粉病鉴定[J]. 北京农业科学,1997,15(3):40-44.

[24] 金文林,陈学珍,喻少帆,等. 红小豆"京农 5 号"新品种选育[J]. 北京农学院学报,1999,14(1):1-5.

[25] 佚名. 小豆品种"京农 26 号"品种简介[J]. 北京农学院学报,2016(2):113.

[26] 刘君丽,陈亮,孟玲. 疫霉病害的发生与化学防治研究进展[J]. 农药,2003,42(4):13-16.

[27] 朱振东,王晓鸣. 小豆疫霉茎腐病病原菌鉴定及抗病资源筛选[J]. 植物保护学报,2003,30(3):289-294.

[28] KITAZAWA K, TSUCHIYA S, KODAMA F, et al. Phytophthora stem rot of adzuki-bean (*Phaseolus angularis*) caused by *Phytophthora vignae* Purss [J]. Japanese Journal of Phytopathology, 1978, 44(4): 528-531.

[29] TSUCHIYA S, YANAGAWA M, OGOSHI A. Formae specials differentiation of *Phytophthora vignae* isolates from cowpea and adzuki bean [J]. Japanese Journal of Phytopathology, 2009, 52(4): 577-584.

[30] NOTSU A, KONDO N, FUJITA S, et al. New race of *Phytophthora vignae* f. sp. *adzukicola*, the causal agent of Phytophthora stem rot of the adzuki bean [J]. Journal of General Plant Pathology, 2003, 69(1): 39-41.

[31] KONDO N, NOTSU A, NAITO S, et al. Distribution of *Phytophthora vignae* f. sp. *adzukicola* races in adzuki bean fields in Hokkaido, Japan [J]. Plant Disease, 2007, 88(8): 875-877.

[32] KONDO N, NOTSU A, FUJITA S, et al. DNA sequence analysis of ribosomal ITS region 1 of *Phytophthora vignae* f. sp. *adzukicola*, the pathogen that causes stem rot of adzuki bean [J]. Journal of General Plant Pathology, 2005, 71(6): 414-417.

[33] HARADA G, KONDO N. Induction of phytoalexins in adzuki bean after inoculation with *Phytophthora vignae* f. sp. *adzukicola* [J]. Journal of General Plant Pathology, 2009, 75(6): 432.

[34] 陆天相,曹寿先. 河北省侵染红小豆(*Phaseolus angulavis* Wight)的黄瓜花叶病毒的鉴定[J]. 河北农业大学学报,1989,12(1):73-80.

[35] 赵国防. 应用 ELISA 法检测天津红小豆病毒类型[J]. 天津农业科学,1991(2):35-36.

[36] LIZUKA N. Studies on virus diseases of adzuki bean (*Vigna angularis* Wight) in Japan [J]. Bulletin of the Tohoku National Agricultural Experiment Station, 1990, 82(12): 77-113.

[37] 郭京泽,曹寿先. 河北省赤豆花叶病毒分离物的鉴定[J]. 植物病理学报,1992,22(4):307-311.

[38] 陈新,易金鑫,张红梅,等. 小豆抗病相关基因 *VaPR*3 的克隆与表达分析[J]. 江苏农业学报,2009,25(5):1119-1123.

[39] 陈新,陈华涛,万建民,等. 小豆抗病相关基因 *VaAC*1 的克隆与表达分析[J]. 南京农业大学学报,2013,36(1):19-23.

[40] 陈新,崔晓艳,袁星星,等. 小豆种质资源对大豆花叶病毒病抗性的初步研究[J]. 江苏农业科学,2015,43(4):156-158.

[41] 贾明洁. 红小豆细菌性叶枯病的研究[D]. 长春:吉林农业大学,2012.

(下转 48 页)

between the spectral diversity of satellite imagery, habitat heterogeneity, and plant species richness [J]. Ecological Informatics, 2014, 24: 160 - 168.

[17] JING Zhaobin, CHENG Jimin, SU Jishuai, et al. Changes in plant community composition and soil properties under3-decade grazing exclusion in semiarid grassland[J]. Ecological Engineering, 2014, 64: 171 - 178.

[18] WU Hao, CARRILLO J, DING Jianqing. Species diversity and environmental determinants of aquatic and terrestrial communities invaded by *Alternanthera philoxeroides*[J]. Science of the Total Environment, 2017, 581 - 582: 666 - 675.

[19] ERWIN A C, ZÜST T, ALI J G, et al. Above-ground herbivory by red milkweed beetles facilitates above-and below-ground conspecific insects and reduces fruit production in common milkweed [J]. Journal of Ecology, 2014, 102: 1038 - 1047.

[20] LUO Fangli, CHEN Yue, HUANG Lin, et al. Shifting effects of physiological integration on performance of a clonal plant during submergence and de-submergence [J]. Annals of Botany, 2014, 113(7): 1265 - 1274.

[21] 马瑞燕,王韧. 不同生态型的喜旱莲子草对莲草直胸跳甲化蛹能力的影响[J]. 植物生态学报,2004,28(1):24 - 30.

[22] 高芳磊,郭素民,闫明,等. 不同生境下空心莲子草响应模拟昆虫采食的生长和化学防御策略[J]. 生态学报,2018,38(7):2344 - 2352.

[23] CADOTTE M W, CARSCADDEN K, MIROTCHNICK N. Beyond species: Functional diversity and the maintenance of ecological processes and services [J]. Journal of Applied Ecology, 2011, 48: 1079 - 1087.

[24] 吴昊,丁建清. 入侵生态学最新研究动态[J]. 科学通报,2014,59(6):438 - 448.

[25] 马瑞燕,王韧. 喜旱莲子草在中国的入侵机理及其生物防治[J]. 应用与环境生物学报,2005,11(2):246 - 250.

[26] 吴昊. 纬度梯度及生境异质性对空心莲子草入侵效应的影响[D]. 武汉:中国科学院研究生院(武汉植物园),2015.

[27] 朱慧,彭媛媛,王德利. 植物对昆虫多样性的影响[J]. 生态学杂志,2008,27(12):2215 - 2221.

[28] 魏永平,张雅林,汪晓光. 黄土高原苹果园植物多样性及其对昆虫群落的影响[J]. 西北植物学报,2010,30(12):2517 - 2523.

[29] 韩宗礼,谭晓玲,陈巨莲. 环境温度变化对异色瓢虫的飞行与运动能力的影响[J]. 中国生物防治学报,2017,33(4):433 - 441.

[30] 李建宇,史梦竹,郑丽祯,等. 温度对 2 个地理种群莲草直胸跳甲成虫产卵量及存活率的影响[J]. 生物安全学报,2013,22(1):57 - 60.

[31] 吴昊. 入侵植物空心莲子草春季沿纬度变化的群落特征[J]. 浙江农林大学学报,2017,34(5):816 - 824.

[32] WU Hao, CARRILLO Juli, DING Jianqing. Invasion by alligator weed, *Alternanthera philoxeroides*, is associated with decreased species diversity across the latitudinal gradient in China [J]. Journal of Plant Ecology, 2016, 9(3): 311 - 319.

[33] 宋璐璐,樊江文,吴绍洪. 植物叶片性状沿海拔梯度变化研究进展[J]. 地理科学进展,2011,30(11):1431 - 1439.

[34] 张茜,赵成章,董小刚,等. 高寒退化草地不同海拔狼毒种群花大小、数量与个体大小的关系[J]. 生态学杂志,2013,32(12):3160 - 3166.

[35] 李强,杨莲芳,吴璟,等. 西苕溪 EPT 昆虫群落分布与环境因子的典范对应分析[J]. 生态学报,2006,26(11):3817 - 3825.

[36] 傅建炜,马明勇,郭建英,等. 水流对莲草直胸跳甲种群存活和扩散的影响[J]. 生物安全学报,2011,20(4):281 - 284.

[37] 张金钰,李鑫,吴素蓉,等. 果园生境对金纹细蛾寄生蜂发生影响及优势寄生蜂空间分布研究[J]. 中国生物防治学报,2012,28(3):326 - 333.

[38] LU Xinming, SIEMANN Evan, HE Minyan, et al. Warming benefits a native species competing with an invasive congener in the presence of a biocontrol beetle [J]. New Phytologist, 2016, 211(4): 1371 - 1381.

(责任编辑: 田 喆)

(上接 40 页)

[42] 王成,闫峰,曾玲玲,等. 红小豆细菌性病害防治试验[J]. 黑龙江农业科学,2014(4):63 - 65.

[43] SUN Suili, XIA Changjian, ZHANG Jiqing, et al. Stem rot on adzuki bean (*Vigna angularis*)caused by *Rhizoctonia solani* AG 4 HGI in China [J]. Plant Pathology Journal,2015,31(1):67 - 71.

[44] SUN Suli, WANG Xiaoming, ZHU Zhendong, et al. Occurrence of charcoal rot caused by *Macrophomina phaseolina*, an emerging disease of adzuki bean in China [J]. Journal of Phytopathology, 2016, 164(3): 212 - 216.

[45] KONDO N, NAKAZAWA K, FUJITA S, et al. New virulent race of *Phialophora gregata* f. sp. *adzukicola*, associated with continuous cultivation of adzuki bean cultivar Acc259 [J]. Journal of General Plant Pathology, 2005, 71(5): 360 - 363.

[46] FUJITA S, MURATA K, SHIMADA H, et al. A new adzuki bean variety "Syumari" with soil-borne disease resistance and excellent processing quality [J]. Bulletin of Hokkaido Prefectural Agricultural Experiment Stations, 2002, 82:31 - 40.

[47] 陈红霖,程须珍,王丽侠,等. 与绿豆抗豆象基因 *VrPGIP* 共分离的分子标记及其应用:CN 201610362607.3 [P]. 2016 - 09 - 21.

[48] 段科平,龙跃军,时明刚,等. 豇豆豆荚螟绿色防控技术体系研究[J]. 现代农业科技,2016(8):113.

[49] 陈振国,吴贵崇,邱少玲. 水稻病虫害绿色防控技术推广与效益分析[J]. 新农业,2018(5):15 - 17.

[50] 史文生. 玉米主要病虫害绿色防控技术探讨[J]. 中国农业信息,2015(24):75 - 76.

[51] 赵树霞. 小麦病虫害的全程绿色防控技术研究[J]. 中国农业信息,2016(2):105 - 106.

(责任编辑: 田 喆)