

重庆山地荞麦病原生物学特性及其流行特征研究

李君保¹, 冉文秀¹, 李华明²,
冉元龙², 丁梦琦³, 张颖韬⁴

1. 酉阳土家族苗族自治县农业技术推广站, 重庆 409899;
2. 忠县农业科技推广中心, 重庆 404300;
3. 西南大学 农学与生物科技学院, 重庆 400715;
4. 重庆市农业技术推广总站, 重庆 401121

摘要:近年来,荞麦因其丰富的营养价值契合现代饮食需求而受到广泛关注,其生产方式也逐渐从传统粗放种植转向规模化生产,但规模化单作模式引发的农田生物多样性下降,容易导致病害呈现区域性流行趋势,显著降低荞麦产量及营养价值。通过整合文献与田间调查,系统概述了国内荞麦真菌病害的主要种类与研究进展,并聚焦重庆市荞麦主产区——酉阳县板溪镇荞麦种植基地的荞麦病害生态特征。实地调查结果发现,甜荞田间发病率为48.2%,显著高于苦荞的13.6%。叶部病害占比(30.9%)最高,主要包括叶斑病、轮纹病、斑枯病和枯萎病;未发现明显的茎秆病害。对采集病样的病原菌进行分离培养,结合形态学特征与ITS系统发育分析,鉴定主要病原菌隶属于链格孢属(*Alternaria* spp.)、草茎点霉属(*Phoma* spp.)、镰刀菌属(*Fusarium* spp.)和黑孢属(*Nigrospora* spp.)。基于上述发现,提出“遗传抗性-生物生态协同防控”技术体系,旨在为西南山地荞麦产业的绿色可持续发展提供理论依据。

关键词:荞麦;真菌病害;病原鉴定;

遗传抗性-生物生态协同防控

中图分类号:S432

文献标识码:A

开放科学(资源服务)标识码(OSID):



文章编号:2097-1354(2025)04-0048-08

Study on the Biological Characteristics of Pathogens and Epidemiological Features of Buckwheat Diseases in the Mountainous Areas of Chongqing

收稿日期:2025-04-25

基金项目:酉阳县2023年荞麦基地建设项目(Yyx20230167);酉阳县2024年荞麦基地建设项目(Yyx20240058)。

作者简介:李君保,高级农艺师,主要从事粮油作物生产与植保研究。

通信作者:张颖韬,高级农艺师。

LI Junbao¹, RAN Wenxiu¹, LI Huaming²,
RAN Yuanlong², DING Mengqi³, ZHANG Yingtao⁴

1. Youyang Agricultural Technology Extension Station, Chongqing 409899, China;

2. Zhongxian Agro-Tech Extension and Service Center, Chongqing 404300, China;

3. College of Agronomy and Biotechnology, Southwest University, Chongqing 400715, China;

4. Chongqing Municipal Agricultural Technology Extension Station, Chongqing 401121, China

Abstract: In recent years, buckwheat has been transitioned from traditional extensive cultivation to modern large-scale production due to its exceptional nutritional value aligning with contemporary dietary demands. However, the intensified monoculture practices have triggered a decline in farmland biodiversity, leading to regional outbreaks of diseases that significantly reduce both yield and nutritional quality. This study systematically summarized the types of fungal diseases in domestic buckwheat through integrated literature review and field surveys, with a focus on the disease ecological characteristics of buckwheat in the main production areas of Youyang County, Chongqing—specifically the Banxi Town buckwheat planting base. Through field survey method, it was found that the incidence of common buckwheat was 48.2% which significantly higher than 13.6% of tartary buckwheat. Leaf diseases accounted for 30.9% of infections, with primary symptoms including leaf spot, ring spot, canker, and wilt, while no significant stem diseases were observed. Pathogen isolation from diseased samples, combined with morphological analysis and ITS phylogenetic analysis, identified the dominant pathogens as *Alternaria* spp., *Phoma* spp., *Fusarium* spp., and *Nigrospora* spp. Based on these findings, this study innovatively proposed an “integrated genetic resistance and bioecological management” framework, aiming to provide theoretical and technical support for the green and sustainable development of buckwheat industry in the mountainous regions of Southwest China.

Key words: buckwheat; fungal diseases; pathogen identification; integrated genetic resistance and bioecological management

荞麦, 又称乌麦或三角麦, 为蓼科(Polygonaceae)荞麦属(*Fagopyrum*)一年生双子叶草本植物^[1]。全球广泛栽培的荞麦种包括甜荞(*Fagopyrum esculentum* Moench)、苦荞(*Fagopyrum tataricum* (L.) Gaertn)和金荞麦(*Fagopyrum dibotrys* (D. Don) Hara)^[2]。作为一种兼具药用与食用价值的特色杂粮, 荞麦籽粒富含多种矿质元素、蛋白质、氨基酸以及远高于水稻、小麦等主要粮食作物的不饱和脂肪酸, 被誉为“五谷之王”^[3-4]。研究表明, 荞麦籽粒含有多酚、黄酮类等多种活性物质, 具有促进细胞增生、抑制血红细胞凝集、消炎和利尿等生理功能^[5]。此外, 荞麦独特的生态适应性(耐瘠薄、抗逆性强)与短生育期特性(60~70 d), 使其在改良土壤微生态、提升农田生物多样性及优化轮作系统中具有重要价值^[4]。例如, 使用荞麦作为前茬作物可以显著提高后茬马铃薯块茎产量约16%^[6-7]。与此同时, 利用荞麦与杂草在植物学和生理学上的相似性, 可将其间作于主要作物中; 荞麦通过化感作用竞争性抑制杂草生长, 可部分替代化学除草剂, 为生态农业提供可行途径^[8-9]。

中国是全球荞麦核心产区, 其种植面积与总产量均居世界前列。位于西南地区的重庆市是典型代表, 不仅蕴藏着丰富的荞麦种质资源^[10], 酉阳、城口等县域还建立了规模化栽培体系, 并形成了与当地山地农业系统融合的特色荞麦产业, 尤其是酉阳县, 其特色品种“酉阳苦荞”已获得国家地理标志产品及全国名特优新农产品认证, 并成功开发出苦荞酒、苦荞蜜等高附加值产品^[11]。同时, 重庆各地推广了荞麦-甘蓝间作^[12]、玉米/马铃薯-荞麦轮作^[13]等多种复合种植

模式,协同提升了荞麦的生态与经济效益。特别是在农旅融合背景下,酉阳县后坪乡通过打造规模化荞麦花海景观,带动核心区农户年均增收超1 000元,成为山地特色农业发展的典范^[13]。

然而,随着荞麦种植面积的扩大,病害的发生日趋严重,显著影响其生长、产量及农民经济收益。例如,苗期根腐病可导致高达35%的幼苗死亡,严重影响产量^[14];立枯丝核菌(*Rhizoctonia solani*)引起的植株立枯病常造成田间缺苗断垄,带来显著经济损失^[15]。同时,重庆地区特有的亚热带季风气候(年均温16.3~18.2℃,夏季相对湿度>80%,冬季温湿多雨),为病原菌的增殖与传播提供了适宜条件。以荞麦褐斑病为例,其病原菌荞麦尾孢(*Cercospora fagopyri*)在相对湿度75%以上,温度20~30℃的条件下可快速萌发侵染叶片,形成圆形或椭圆形病斑,导致病叶变褐枯死;风雨媒介作用加速病害蔓延,多雨潮湿年份发病率可达8%~15%,造成荞麦严重减产^[16]。

尽管酉阳荞麦种植面积达到5 333 hm²^[17],居重庆市首位^[17],但迄今尚缺乏该区域荞麦病害的系统性基础数据,制约了绿色防控技术的研发与产业的可持续发展。本研究以重庆市酉阳县板溪镇规模化荞麦种植基地为对象,系统开展荞麦主要病害种类调查、发生规律解析及病原菌分离鉴定工作,旨在填补该区域病害基础数据的空白,为构建荞麦病害综合防控体系提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 荞麦真菌性病害的病原谱系研究

本研究基于USDA Fungal Databases、国际主流数据库(Web of Science Core Collection和PubMed)与中文核心数据库(中国知网和万方数据知识服务平台),多平台协同检索中英文文献,基于主题词与自由词的组合检索,构建检索式(Buckwheat or Fagopyrum)and(Disease or Pathogen or Infection or Fungal Disease);中文检索词包括“荞麦病害”or(“荞麦”and“病害”or“真菌性病害”)。系统提取并分析文献中涉及的病害类型及病原菌种类。

1.2 病害调查及病样采集

于2023年10月在重庆市酉阳县板溪镇荞麦种植基地(28°44′31.60″N,108°49′13.29″E),对当地荞麦主要栽培品种甜荞(*F. esculentum* cv.)“酉甜绿荞”和苦荞(*F. tataricum* cv.)“酉荞1号”病害的发生严重程度与分布情况进行调查。调查区域总面积约2.89 hm²,其中甜荞为2.01 hm²,苦荞为0.88 hm²。结合系统调查,重点调查主要病害症状及发病部位,并计算病叶率。基于调查结果,结合重点调查病症的发生程度,制作病害发生情况调查表,发病程度可分为轻度、中度与重度,分别用符号“+”“++”和“+++”表示^[18]。

$$\text{病叶率}(\%) = \text{感病叶片数} / \text{调查总叶片数} \times 100\% \quad (1)$$

采用五点取样法,采集具有典型症状的病样,并拍摄田间症状,记录采集地点、时间等信息。将获得的样本放入自封袋内并编号,带回实验室进行下一步实验。

1.3 荞麦病原菌的分离

将用于分离病原菌的病样拍照留存后,用1%次氯酸钠消毒2 min,75%酒精消毒30 s,然后用灭菌水冲洗3次,并在灭菌纸巾上吸干水分。随后,用灭菌手术刀切取样品病健交接处组织,置于90 mm含有PDA培养基的塑料培养皿,在25℃恒温黑暗条件下培养7 d。将最后一次冲洗病样的灭菌水涂布于PDA培养基上,继续培养7 d,观察是否有杂菌生长,确保无菌。每日观察并记录,将产生的新菌落转移至PDA培养基上培养,随后将纯化菌株进行编号并保

藏于4℃斜面培养基上。菌株保存于西南大学农学与生物科技学院。

1.4 荞麦主要病原菌的鉴定

1.4.1 形态学鉴定

将供试菌株在PDA培养基上培养3~5 d后,用直径6 mm的灭菌打孔器切取菌落边缘的菌丝块,转接至PDA培养基平板(直径90 mm培养皿)中央。在25℃恒温黑暗条件下培养7 d,随后观察菌落形态,记录表面质地等特征,并测量菌落直径。

1.4.2 荞麦主要病原菌的分子生物学鉴定

将目标菌株在PDA培养基上培养5 d后,采用改良CTAB法提取菌丝总DNA^[19]。对其ITS基因片段进行PCR扩增,所用引物为ITS4(TCCTCCGCTTATTGATATGC)/ITS5(GGAAGTAAAAAGTCGTAACAAGG)^[20]。使用体积为25 μL的2×Taq预混PCR反应体系,PCR扩增采用以下热循环参数。初始变性在95℃持续5 min;接着进行30次循环扩增,每个循环包括94℃下变性40 s,50℃退火60 s,72℃下延伸1 min;最后在72℃下进行终末延伸10 min。扩增产物与新型核酸染料Goldview(安徽白鲨生物科技有限公司)混合,经琼脂糖凝胶电泳(120 V,20 min)检测,使用凝胶成像仪确认条带明亮清晰,由北京擎科生物科技有限公司完成测序。2024年4月13日将获得的基因序列在NCBI网站进行BLAST比对,并下载相关序列。使用MEGA11软件中的Clustal W程序对获得的基因序列进行校排,基于邻接法(Neighbor-Joining, NJ)构建系统发育树。

2 结果与分析

2.1 我国荞麦主要真菌病原菌种类与研究进展

我国荞麦病害研究呈现阶段性特征。1960—2000年,《吉林省栽培植物真菌病害志》《中国真菌总汇》及《真菌鉴定手册》等经典著作初步记载了荞麦假黑斑病、轮纹病、褐斑病、白粉病、霜霉病、斑点病、白霉病及立枯病等病害^[15],奠定了研究基础。随后的十余年里,新病害种类及系统性研究较少。直至2013年,卢文洁等^[21]对我国云南、山西、内蒙古等地区荞麦立枯病的危害及病原菌—立枯丝核菌(*R. solani*)的形态学特征进行了调查研究;其后续研究结合分子生物学技术,分析了云南荞麦轮纹病病原菌—草茎点霉属(*Phoma herbarum*)的特性,为荞麦病原菌的分子鉴定提供了依据^[22]。2018年,时春利^[23]描述了辽西地区荞麦病害症状,但未深入鉴定病原。齐杨菊^[24]揭示了西北地区荞麦全生育期病害谱,鉴定出9属11种病原真菌,其中链格孢属与灰葡萄孢属构成核心致病群落。李苟庆^[25]从湖南苦荞叶片分离出木樨黑孢霉(*N. osmanthi*)和交链格孢(*A. alternata*),并分别建立了针对这两种病原菌的实时荧光定量PCR(qPCR)检测方法,检测限分别达 2.6×10^6 copies/mL和 3.3×10^7 copies/mL,检出率分别为81.8%和66.7%,比肉眼诊断提前2 d。目前,根据USDA真菌数据库(<https://fungi.ars.usda.gov/>),我国已报道的荞麦病原真菌种类涉及20个属,主要包括*Alternaria*, *Bipolaria*, *Botryosphaeria*, *Botrytis*, *Cercospora*, *Colletotrichum*, *Didymella*, *Erysiphe*, *Melanopsichium*, *Nigrospora*, *Phyllosticta*, *Ramularia*, *Rhizoctonia*, *Septoria*, *Sphacelotheca*, *Stemphylium*等。然而,较多病原菌的发病特征、致病机理仍缺乏深入研究,特别是西南山地等主产区的病原多样性信息尚属空白。构建覆盖全生育期、多生态区的病原动态监测网络,已成为保障荞麦产业可持续发展的迫切需求。

2.2 重庆地区荞麦真菌病害病原菌种类

采用踏查法在重庆市酉阳县板溪荞麦种植基地进行病害调查,共采集48份病样,通过组

织分离培养法获得 72 株菌株。基于菌落形态差异, 选取 8 株代表菌株进行鉴定, 分别为 YZU234174、YZU234187、YZU234168、YZU234159、YZU234170、YZU234182, YZU234136 和 YZU234131 (图 1)。在 PDA 培养基上生长 7 d 后, 菌株 YZU234182、YZU234136 和 YZU234131 生长迅速, 菌落长满 90 mm 培养皿; 菌株 YZU234187、YZU234168 和 YZU234159 生长速度适中, 菌落大小约 75 mm; 菌株 YZU234174 与 YZU234170 生长较缓慢, 菌落大小约 55 mm (图 1)。

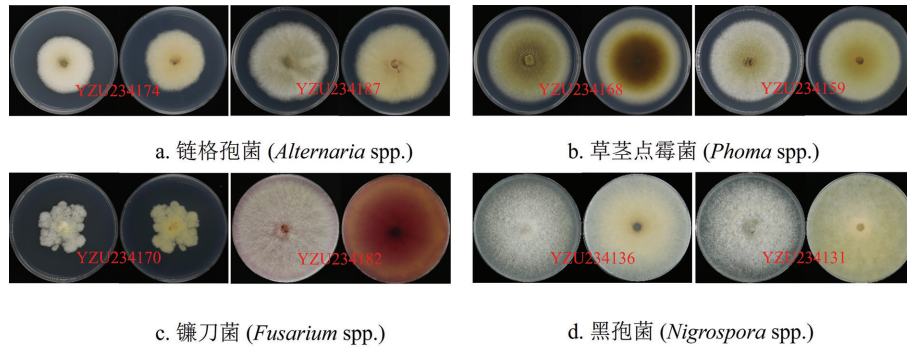


图 1 荞麦病害代表病原菌菌落特征

通过对供试的 8 株菌株的 ITS 基因进行 PCR 扩增和测序, 获得目标 DNA 序列后, 利用 BLASTn 进行比对, 并构建 NJ 系统发育树。结果显示, 这 8 个菌株分别隶属于 4 个属, 分别为链格孢属 (YZU234174 与 YZU234187)、草茎点霉属 (YZU234168 与 YZU234159)、镰刀菌属 (YZU234170 与 YZU234182) 和黑孢属 (YZU234136 与 YZU234131) (图 2)。

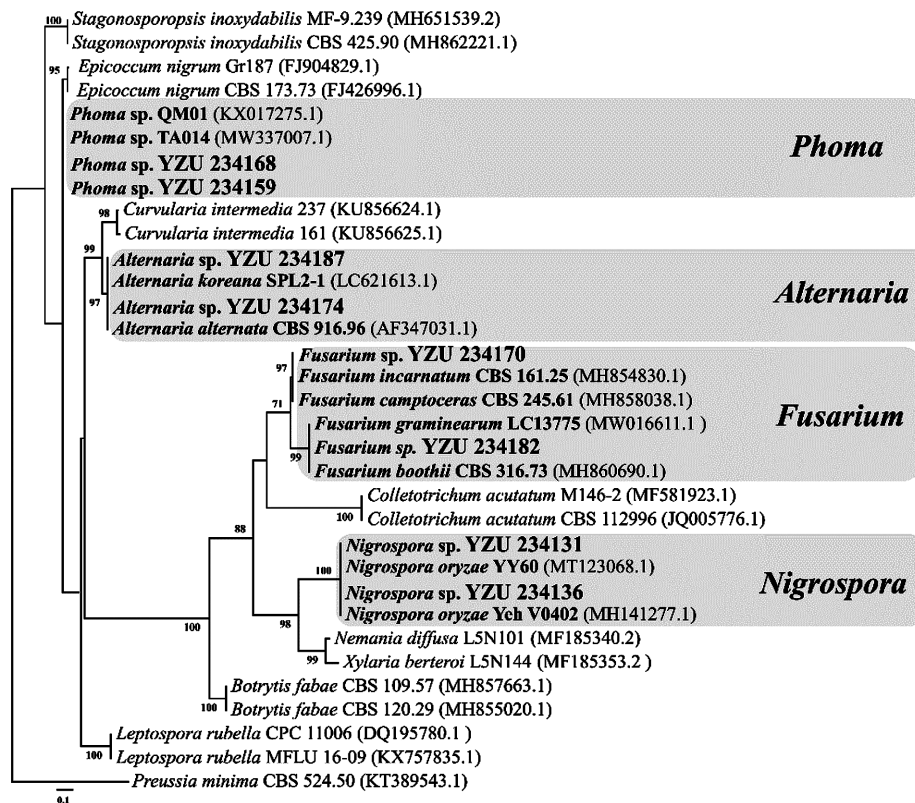


图 2 基于 ITS 基因序列构建的荞麦病原菌的系统发育树

2.3 重庆地区荞麦病害发生情况及严重程度

实地调查结果显示,该基地未见明显茎秆病害,但叶部病害较为严重,整体病叶率达 30.9%,主要发生在中、老叶上。在病害分布方面,甜荞的叶片病害发生较为严重,病叶率为 48.2%,且大部分病害为中度(++) ;相比之下,苦荞的病害发生较轻,病叶率为 13.6%,表现为轻度病害(+)。病害主要分布在植株基部的衰老叶片。

叶片主要病害类型包括叶斑病、轮纹病、斑枯病及枯萎病(图 3)。病原学分析表明,链格孢菌(*Alternaria* spp.)与草茎点霉菌(*Phoma* spp.)所致病害发生频率及严重程度显著高于镰刀菌(*Fusarium* spp.)与黑孢菌(*Nigrospora* spp.) (表 1)。典型症状表现为:链格孢菌侵染时,叶片上形成不规则或椭圆形的病斑,具深浅交替的同心轮纹,病斑边缘呈黄褐色晕圈,病健交界清晰;随着病程发展,病斑中央组织坏死并穿孔,多个病斑融合后导致叶片大面积枯死(图 3a);草茎点霉菌侵染时,病斑沿叶脉定向扩展,叶正面出现区域性褪绿斑,主要出现在植株基部的衰老叶片(图 3b);镰刀菌侵染则引发叶片与花序的系统性枯萎,初期叶缘出现浅褐色不规则斑块,在干旱条件下,病部迅速失水并形成脆性坏死区(图 3c);黑孢菌侵染时,除了引起普通叶斑症状外,叶正面还散布不规则的黑色斑块,斑缘伴随黄化现象,但叶背面组织结构保持完整,呈现典型的“单面显症”特征(图 3d)。

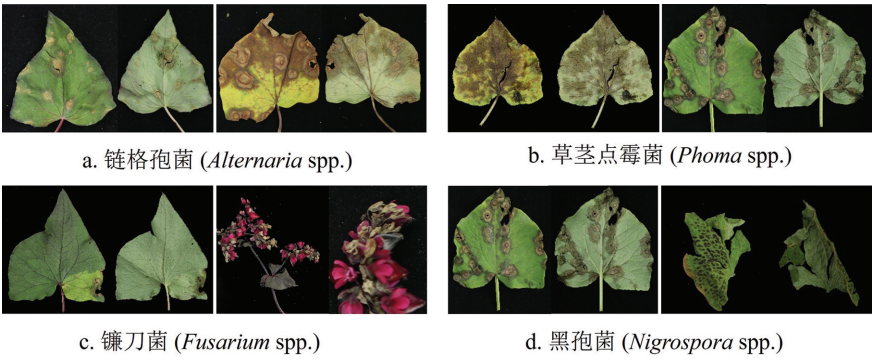


图 3 重庆市板溪基地荞麦病害症状特征

表 1 荞麦病症、病原菌种类及危害程度

病原菌种类	病症	危害部位	危害程度
链格孢菌(<i>Alternaria</i> spp.)	叶斑、轮纹	叶片	++
草茎点霉菌(<i>Phoma</i> spp.)	斑枯、轮纹	叶片	++
镰刀菌(<i>Fusarium</i> spp.)	枯萎	叶片、花序	+
黑孢菌(<i>Nigrospora</i> spp.)	坏斑、黑斑	叶片	+

3 结论与讨论

荞麦是一种营养丰富的重要杂粮作物,生育期短,具有耐寒、耐贫瘠和适应性强的特点,同时也是一种极具开发潜力的优质饲草资源^[8]。然而,近年来,随着荞麦种植从传统小规模模式向现代机械化生产转型,病害频发,严重降低了其营养价值和饲用品质^[15]。目前国内报道的荞麦病害以叶部病害为主,主要包括白粉病、立枯病、叶斑病、褐斑病、白霉病、斑枯病、轮纹

病、灰腐病等^[15, 22, 26]。本研究的调查结果与此一致,发现叶部病害发病率显著高于根茎部病害,这可能与茎秆的营养成分较低且木质素水平较高有关。通过对采集病样进行病原菌分离培养,并结合菌落形态学观察及 ITS 分子鉴定,本研究确定重庆山地区域荞麦的主要病原菌为链格孢属(*Alternaria* spp.)、草茎点霉属(*Phoma* spp.)、镰刀菌属(*Fusarium* spp.)和黑孢属(*Nigrospora* spp.)。其中,首次发现镰刀菌属病原菌能够侵染荞麦叶片并引发病害,扩展了该属病原菌对荞麦的危害范围(此前仅报道其侵染荞麦籽粒)^[27]。调查还显示,甜荞的病害发生率显著高于苦荞,这可能与苦荞中具有抑菌活性的黄酮类化合物水平显著高于甜荞有关^[28-29]。吴朝昕等^[30]指出,海拔是影响荞麦生长、产量及品质的关键生态因素,而苦荞黄酮水平与海拔呈显著正相关。结合酉阳山地种植区的特点,推测高海拔诱导的黄酮类次生代谢产物积累可能是苦荞抗病性增强的重要机制。

当前,我国荞麦病害防控仍高度依赖化学防治(如播前拌种和发病期靶向喷施)^[31],以及农业生态调控(如轮作倒茬和病残体清除等)^[31-33],整体防控体系仍显单一。针对这一局限,本研究借鉴其他作物病害防控的经验,基于多技术协同的理念,提出“遗传抗性-生物生态协同防控”绿色技术体系。该体系在现有化学防治和农业生态调控的基础上,强调两方面的协同:一方面,加大力度选育抗病荞麦新品种,利用我国特有野生荞麦种质中的丰富抗性基因资源^[34],通过远缘杂交将优良抗性基因导入栽培荞麦,培育并推广综合抗病能力强的新品种;另一方面,加强微生物及其代谢物等生物防治剂在荞麦病害防控中的应用研究^[35]。生物防治剂不仅能直接拮抗病原菌,还能诱导植物系统性抗性,优化土壤微生物群落,促进养分循环,从而提升农业生态系统的可持续性^[36]。这一技术路径为荞麦病害防控向“减药增效”的绿色可持续模式转型提供了理论支撑与实践指导。未来研究将聚焦于以下几个方面:①选育并推广高抗病性荞麦新品种;②深入阐明重庆山地病原菌的生态适应性机制;③开发能靶向降低发病率并减少药剂残留的生物防治剂。通过多技术融合策略,推动荞麦病害防控向绿色化发展,为山地农业的可持续发展提供范式支撑。

参考文献:

- [1] 李安仁. 中国蓼属新分类群 [J]. 植物研究, 1995, 15(4): 413-418.
- [2] 钟兴莲, 姚自强, 杨永宏, 等. 荞麦资源调查研究 [J]. 作物研究, 1994, 8(4): 31-33.
- [3] 罗婷, 李国瑞, 由佳庆, 等. 药食同源作物荞麦的营养成分及保健作用 [J]. 特种经济动植物, 2024, 27(2): 178-181.
- [4] WIJNGAARD H H, ARENDT E K. Buckwheat [J]. Cereal chemistry, 2006, 83(4): 391-401.
- [5] 王晓萍, 王文燕, 邢晓冬, 等. 荞麦的功效成分及药理作用研究进展 [J]. 沈阳药科大学学报, 2024, 41(12): 1599-1608.
- [6] ŠTEINBERGA V, MUTERE O, JANSONE I, et al. Effect of Buckwheat and Potato as Forecrops on Soil Microbial Properties in Crop Rotation [J]. Proceedings of the Latvian Academy of Sciences Section BNatural, Exact, and Applied Sciences, 2012, 66(4/5): 185-191.
- [7] JIANG Y F, NYIRANEZA J, NORONHA C, et al. Nitrate Leaching and Potato Tuber Yield Response to Different Crop Rotations [J]. Field Crops Research, 2022, 288: 108700.
- [8] WOO S-H, KAMAL A M, TATSURO S, et al. Buckwheat (*Fagopyrum esculentum* Moench.): Concepts, prospects and potential [J]. The European Journal of Plant Science and Biotechnology, 2010, 4(1): 1-16.
- [9] LEJINŠ A, LEJINA B. The Buckwheat role in crop rotation and weed control in this sowings in long term trial [C]//Environment. Technologies. Resources. Proceedings of the International Scientific and Practical Conference. 2009, 1: 141-146.

- [10] 高佳,黄娟,冉启凡,等.重庆部分地区的种质资源调查荞麦篇[J].植物遗传资源学报,2017,18(3):595-601.
- [11] 李君保.酉阳县荞麦产业发展现状及对策[J].南方农业,2014,8(24):98-99.
- [12] 陈静.荞麦与甘蓝轮间作对甘蓝根肿病防治效果的研究[D].重庆:西南大学,2015.
- [13] 张沛昌,王雪金,侯祥兵.酉阳县2016年荞麦高产高效创建示范项目研究[J].种子科技,2017,35(5):36-38.
- [14] MONDAL K K. Evaluation of Seed-Dressing Fungicides Against Sclerotinia Root Rot of Buckwheat [J]. Fagopyrum, 2004, 21: 105-107.
- [15] 齐杨菊,陈振江,李振霞,等.荞麦病害研究进展[J].草业科学,2020,37(1):75-86.
- [16] 孟有儒,李万苍,李文明.荞麦褐斑病菌及其生物学特性[J].植物保护,2004,30(6):87-88.
- [17] 田晓庆.重庆地区苦荞轻简栽培技术简介[J].南方农业,2022,16(7):150-152.
- [18] 徐志刚,胡白石.普通植物病理学[M].5版.北京:高等教育出版社,2021.
- [19] WATANABE M, LEE K, GOTO K, et al. Rapid and Effective DNA Extraction Method with Bead Grinding for a Large Amount of Fungal DNA [J]. Journal of Food Protection, 2010, 73(6): 1077-1084.
- [20] WHITE T J, BRUNS T, LEE S, et al. Amplification and Direct Sequencing of Fungal Ribosomal RNA Genes for Phylogenetics [M]//PCR Protocols. Amsterdam: Elsevier, 1990: 315-322.
- [21] 卢文洁,王莉花,周洪友,等.荞麦立枯病的发病规律与综合防治措施[J].江苏农业科学,2013,41(8):138-139.
- [22] 卢文洁,孙道旺,何成兴,等.云南荞麦轮纹病的发生及病原菌鉴定[J].中国农学通报,2017,33(9):154-158.
- [23] 时春利.辽西荞麦病虫害发生与防治[J].现代农业,2018(4):38-39.
- [24] 齐杨菊.西北荞麦主要真菌病害及其室内杀菌剂筛选[D].兰州:兰州大学,2020.
- [25] 李苟庆.苦荞麦叶斑病实时荧光定量PCR检测方法的建立及防控农药的室内筛选[D].湘潭:湖南科技大学,2022.
- [26] 田小曼,李朝红.荞麦派伦霉叶斑病病原学研究[J].西北农业学报,2017,26(10):1544-1549.
- [27] 张永红,朱少兵,佟伟军,等.“地方性乳房肿大症”病区荞麦中镰刀菌的分离和毒素测定[J].中华预防医学杂志,1995,29(5):273-275.
- [28] 张广峰,陈喜明,韩云丽,等.31个荞麦品种的经济性状及品质分析[J].种子,2020,39(5):85-87,91.
- [29] 何海燕,付跃,李燕婷,等.桑叶总黄酮提取工艺优化及抑菌效果研究[J].中国饲料,2025,(3):65-69.
- [30] 吴朝昕,陈庆富,黄娟,等.不同生态区对不同品种甜荞和苦荞农艺性状和品质性状的影响[J].安徽农业大学学报,2020,47(4):618-626.
- [31] 刘军秀,马宁,贾瑞玲,等.荞麦主要病害的症状以及防治措施探析[J].农业技术与装备,2019,(3):80-81.
- [32] 郭婷,刘雨薇,吴进蓉,等.几种杀菌剂对荞麦茎溃疡病菌的生物活性和田间防治效果[J].作物杂志,2024,(5):247-254.
- [33] 李春花,张艳军,黄金亮,等.荞麦不同播种方式和种植密度对田间杂草及荞麦产量的影响[J].杂草学报,2019,37(3):36-41.
- [34] ZHAO H, HE Y Q, ZHANG K X, et al. Rewiring of the Seed Metabolome during Tartary Buckwheat Domestication [J]. Plant Biotechnology Journal, 2023, 21(1): 150-164.
- [35] 陈荣林.药用植物荞麦内生真菌的分离鉴定及其抗菌抗肿瘤活性研究[D].重庆:重庆大学,2009.
- [36] SHEORAN A R, LAKRA N, SAHARAN B S, et al. Enhancing Plant Disease Resistance: Insights from Bio-control Agent Strategies [J]. Journal of Plant Growth Regulation, 2025, 44(2): 436-459.

责任编辑 苏荣艳