中国油料作物学报
Chinese Journal of Oil Crop Sciences
2026,48(5):201-208
doi:10.19802/j.issn.1007-9084.2025202

辽宁省花生冠腐病病原菌的分离鉴定及其生物学特性研究

韩宁[1,2],庄耘文[2],吕金昊[1],孙泓希[1],王一波[1],任亮[1],王海新[1],史普想[1*]
(1.辽宁省沙地治理与利用研究所,辽宁 阜新,123000;
2.黑龙江八一农垦大学,黑龙江 大庆 163319)

摘要:本研究旨在明确辽宁省花生冠腐病的病原,通过组织分离法获得病原菌分离物,并基于科赫氏法则验证其致病性。对病原菌的菌落形态、菌丝特征及孢子结构进行了观察,结果显示该菌在培养基上菌落呈圆形、边缘规整,菌丝呈白色绒毛状,具隔膜及分支,分生孢子为黑色球形。进一步对病原菌的*CAL*和*Tub2*基因片段进行扩增与测序,通过多基因序列联合构建系统发育树,最终将引起该地区花生冠腐病的病原鉴定为*Aspergillus niger*。生物学特性研究表明,该菌菌丝在35℃下生长最佳,最适pH为5,最适碳源和氮源分别为乳糖和胰蛋白胨,其致死温度为60℃。

关键词:花生冠腐病;形态学鉴定;*Aspergillus niger*;分子鉴定;生物学特性
中图分类号:S435.652　　**文献标识码**:A　　**文章编号**:1007-9084(2026)05-0201-08

The pathogen isolation, identification and Physiological properties of peanut crown rot in Liaoning Province

HAN Ning[1,2], ZHUANG Li-wen[2], LYV Jin-hao[1], SUN Hong-xi[1], WANG Yi-bo[1], REN Liang[1], WANG Hai-xin[1], SHI Pu-xiang[1*]
(1. *Liaoning Institute Sandy Land Control and Utilization, Fuxin* 123000, *China*; 2. *Hei longjiang Bayi Agricultural University, Daqing* 163319, *China*)

Abstract: The purpose of this study was to identify the pathogens of peanut crown rot in Liaoning Province. The pathogens were isolated by tissue isolation method and verified by Koch ′s rule. Then the colony, mycelium and spore morphology of the pathogen were observed. The results showed that the strain exhibited circular colony growth with neat edges, white fluffy mycelia featuring septa and branching, and black spherical conidia. Based on multi-gene phylogenetic analysis of *ITS*, *CAL*, and *Tub2* partial sequences, the pathogen causing peanut crown rot in Liaoning Province was identified as "*Aspergillus niger*". In addition, the Physiological properties of the pathogen were tested. The results showed that the optimum growth temperature of the pathogen was 35°C, the optimum growth pH was 5, the optimum growth carbon and nitrogen sources were lactose and tryptone, and the lethal temperature was 60°C.

Key words: peanut crown rot; morphological characterization; *Aspergillus niger*; phylogenetic analysis; physiological properties

改革开放以来花生产业持续发展,尤其近十年来再跨新台阶[1]。我国花生种质资源丰富,具有广泛生态适应性,主产区集中于黄淮海平原、东南沿海及长江中下游流域,河南、山东等10余个省份构成核心生产区[2]。近年来,花生凭借其独特的经济价值和广泛的用途,已发展成为全球增长最为迅速的油料作物和经济作物之一[3],2013年花生播种面积为439.6万公顷,到2020年种植面积超过466.67万公顷,2022年达到468.33万公顷,较2013年增加了28.73万公顷,增幅6.5%。与2013年相比,花生

收稿日期:2025-09-15
基金项目:辽宁省农科院学科联合协同创新专项(2025XTCX0404);辽宁省农科院院长青年基金(2025QN2603);辽宁省农科院花生育种与栽培学科建设项目(2025XKJS8556);国家重点研发计划(2020YFD1000905)
作者简介:韩宁(1994-),男,硕士,主要从事花生病理与栽培研究,E-mail: hanning202106@163.com
*通讯作者:史普想(1979-),研究员,主要从事花生栽培研究和推广,E-mail: spx_104@126.com

单产由3664.5 kg/hm^{2}提高到2022年的3900 kg/hm^2,提高了235.5 kg/hm^2;产量由1610.9万吨增加到1833万吨,增加了222.1万吨,占国内油料总产量(不含大豆)的近50%。[4]。在我国农业生产体系中,作物连作现象呈现显著的地域性高发特征。其中,河南省、山东省、广东省及辽宁省作为花生主产区,该现象尤为突出,辽宁省地处半干旱与半湿润气候过渡带,农业生态条件具有显著的区域差异性,辽西北风沙区和辽南丘陵沙地等区域普遍存在土壤贫瘠、保水能力差等因素,导致农作物产量呈现明显波动[5],而花生是耐旱作物,适合沙地种植,因其独特的生理特性成为沙地农业的优选作物。辽宁省花生产区凭借其独特的气候生态优势,为高品质花生生产提供了理想环境,所产花生以黄曲霉毒素少、蛋白质含量高等品质特性在国际市场具有竞争优势[5]。

但近年来花生各种病害危害程度逐年加剧,对花生产业构成严重威胁,其中花生冠腐病已经造成了严重的经济损失[6]。花生冠腐病又叫黑霉病、少亡病、黑曲霉病等[7],对花生产量和品质造成了显著影响,是危害花生生长的重要苗期土传真菌病害,感染冠腐病后产量和品质都会受到严重影响[8],储藏期的潮湿种子易受病原菌感染,种子带菌率高达90%以上[9],该病害主要侵染花生的茎基部和根部,初期表现为侵染茎基部,随后逐渐扩展并导致植株萎蔫、腐烂甚至死亡。严重时,病害可使产量损失高达30%以上,同时降低花生的含油率和蛋白质含量,影响其营养价值和市场竞争力[6]。花生冠腐病的病原菌主要为黑霉菌[10],花生冠腐病的孢子可以长期存活在土壤中[9,10],增加了防治难度,在高温高湿的条件下,病原微生物的增殖速率与扩散范围呈现明显上升趋势,危害呈现加剧态势。冠腐病之前仅偶然发生,不会造成重大经济损失,然而,随着连作障碍加剧及抗性种质资源不足,植物病害流行强度持续攀升,导致病害发生越发严重,已经发展成为制约花生产业可持续发展的关键生物胁迫因子[11]。本研究对辽宁省花生冠腐病病原进行分离、鉴定及生物学特性分析,为之后该病害的科学防治及致病机制探索提供理论依据和实践基础。

1 材料和方法

1.1 供试材料

供试病样为采自辽宁省农科院沙地所试验基地,具有典型冠腐病症状的花生植株。病原菌分离采用组织分离法,参照韩宁等[12]的试验方法对发病组织进行表面消毒,消毒过的组织接种在PDA平板,25℃暗培养3 d后观察菌落发育。待菌落生长至4~5 d后挑取边缘菌丝进行纯化,经多次转接后获得纯化菌株。

1.2 冠腐病病原菌致病性测定

采用科赫氏法则对纯化菌株进行回接致病性验证,选取花生幼苗作为接种对象,参照韩宁等[12]的方法对花生幼苗整株进行表面消毒,首先将健康的花生幼苗整株放入75%的医用酒精中消毒30 s,再将其转入0.6%的NaClO液消毒10 min,用无菌水将其浸洗3次,将幼苗置于已灭菌的超净台中风干,在35℃条件下培养2 d,将纯化好的单一菌落制备成5 mm的菌饼,接种到花生幼苗胚轴上,在25℃环境中培养,7天后观察接种部位的症状变化,并设置五个处理做对照组。当花生幼苗出现病害症状时去除菌饼,并再次分离病原物,以验证病原菌致病性。

1.3 冠腐病病原菌的形态学鉴定

挑取病原菌的菌丝和孢子悬液制备玻片,于光学显微镜下检视其菌丝及分生孢子的形态。

1.4 冠腐病病原菌的分子鉴定

采用试剂盒提取病原菌基因组DNA,并保存于-20℃备用[13]。利用引物CMD5(CCGAGTACAAGGARGCCTTC)/CMD6(CCGATRGAGGTCATRACGTGG)和Bt2a(GGTAACCAAATCGGTGCTGCTTTC)/Bt2b(ACCCTCAGTGTAGTGACCCTTGGC)扩增病原菌的*CAL*和*Tub2*基因的部分序列。

参考韩宁等[12]的PCR反应体系,扩增体系为50 μL:2×Phanta Max Buffer 25 μL、模板DNA 2 μL、上下游引物各2 μL、dNTP Mix 1 μL, Phanta Max Super-Fidelity DNA Polymerase 1 μL, ddH_2O 17 μL。反应条件:95℃预变性5 min;95℃变性30 s,65℃(*CAL*)和62.4℃(*Tub2*)退火30 s,72℃延伸60 s(*CAL*和*Tub2*),35个循环;72℃延10 min。扩增产物送生工生物工程(上海)股份有限公司进行测序。

利用BLAST从GenBank获得分类菌株的信息(见表1),3个基因的测序序列使用使用BioEdit进行比对和编辑[14]。利用3个基因序列的连锁数据集,使用raxmlGUI-2.0.0软件采用最大似然法对病原菌进行系统发育分析[15]。

1.5 冠腐病病原菌生物学特性测定

1.5.1 不同温度对病原菌生长的影响 分别设置20℃、25℃、30℃、35℃和40℃的温度处理,参照韩宁等[12]的方法,对分离得到的花生冠腐病病原菌的最

表1 系统发育分析的菌种信息及基因库登记号

Table 1 Information of species and registration number of gene bank for phylogenetic analysis

菌株 Strain	菌株编号 Code	基因库登记号 GenBank accession numbers	
		CAL	Tub2
Aspergillus niger	PF6	PP035548	OR514173
A. niger	G1401	OP646333	OP646314
A. niger	PW3464	LC774534	LC774552
A. foetidus	CBS 121.28	FJ491694	FJ491690
A. welwitschiae	CBS 139.54	KC480196	FJ629291
A. luchuensis	KACC 46772	JX500071	JX500062
A. tubingensis	NRRL 4875	EF661151	EF661086
A. carbonarius	CBS 616.75	FN594544	FJ629276
A. oerlinghausenensis	CBS 139183	KT359605	KT359603
A. neoindicus	NRRL 6134	EF669574	EF669532
A. felis	CBS 130245	JX021715	JX021700
A. allahabadii	NRRL 4539	EF669559	EF669531
A. carneus	NRRL 527	EF669569	EF669529
A. brevipes	NRRL 2439	EF669881	EF669812
A. niveus	NRRL 5505	EF669573	EF669528
A. unilateralis	NRRL 577	EF669923	EF669852
A. waksmanii	NRRL 179	EF669863	EF669794
A. duricaulis	NRRL 4021	EF669897	EF669827
A. janus	NRRL 1787	EF669536	EU014076
A. longivesica	NRRL 5215	EF669917	EF669847
A. pseudoterreus	NRRL 4017	EF669556	EF669523
A. flaschentraegeri	NRRL 5042	EF652130	EF652113
A. pseudotamarii	NRRL 25517	EF661521	EF661477
A. clavatonanicus	NRRL 4741	EF669912	EF669842
A. giganteus	NRRL 10	EF669857	EF669789
A. lentulus	NRRL 35552	EF669895	EF669825
A. subnutans	CBS 129386	KX528455	KX528454
A. wyomingensis	CCF 4417	HF933397	HF933359
A. viridinutans	NRRL 4365	EF661266	EF661252
A. dimorphicus	NRRL 3650	EF652135	EF652111
A. caelatus	NRRL 25528	EF661522	EF661470
A. bombycis	NRRL 26010	AY017594	AY017547
A. parasiticus	NRRL 502	EF661516	EF661481
A. tamarii	NRRL 20818	AY017587	AY017540
A. robustus	NRRL 6362	EF661127	EU014101
A. lanuginosus	NRRL 4610	EF669562	EU014080
A. polyporicola	NRRL 32683	EF669553	EU014088
A. brunneouniseriatus	NRRL 4273	EF652138	EF652123
A. pseudonomiae	NRRL 3353	EF661529	EF661495
A. conversis	CCF 4190	HF933387	HF933363
Penicillium oregonense	CBS 129775	KF303640	KF303623

适温度进行测定。

1.5.2 不同碳氮源对病原菌生长的影响 参照韩宁等[12]的方法,分别以可溶性淀粉、蔗糖、乳糖、甘露醇、麦芽糖和葡萄糖为唯一碳源,以甘氨酸、酵母粉、硫酸铵、胰蛋白胨、尿素和硝酸钾为唯一氮源,配制不同培养基平板。取直径5 mm的菌块接种于各平板中央,于35℃恒温培养箱中进行暗培养,48 h后测量菌落直径,每个处理设3个重复。

1.5.3 不同pH对病原菌生长的影响 将配制好的马铃薯葡萄糖培养基(PDA)分装后,利用HCL和NaOH分别调节其酸碱度至pH值为4、5、6、7、8、9、10。利用高压灭菌对培养基进行无菌处理,在超净工作台内分装制备平板,凝固后将直径5 mm的菌块接种于培养基平板,35℃条件下培养48 h后测量菌落直径,各处理重复3次。

1.5.4 病原菌的致死温度 按韩宁等[12]的方法,取5 mm菌饼于含无菌水的2 mL离心管中,分别于40、45、50、55、60、65℃水浴处理10 min,随后转接至PDA平板,35℃黑暗培养48 h后测量菌落直径,每个温度处理设置3次重复。

1.6 数据分析

使用SPSS 21.0软件对所得试验数据进行统计学处理,并采用顺序字母法标示组间差异的显著性。

2 结果和分析

2.1 花生冠腐病病原菌致病性

本研究通过致病性测定实验,观察冠腐病菌株的侵染过程及病理特征。采用新鲜花生幼苗接种带有病原菌的菌饼,于7天后观察到接种幼苗出现花生冠腐病典型腐烂症状,对照组采用接种PDA培养基菌饼,未出现任何病症(图1)。对发病菌株进行组织分离,分离纯化得到的菌株与接种的菌株完



注:A:大田症状;B:接种症状

Note: A: Field symptoms; B: Inoculation symptoms

图1 花生冠腐病症状

Fig. 1 Symptoms of peanut crown rot

全一致,说明本实验得到的菌株为花生冠腐病病原。

2.2 花生冠腐病病原菌的形态鉴定

菌落在培养基中呈圆形生长,不透明,整体较疏松,边缘通常较整齐。菌丝培养初期为白色绒毛状突起,质地为厚绒状,后期大量出现黑色分生孢子,最后长满培养皿。待培养7 d左右,在显微镜观察,菌丝透明细长,且有隔膜和分支,分生孢子呈黑褐色球形,孢子直径7.1~9.3 μm。根据上述形态学特征,将所分离的病原菌初步鉴定为曲霉属。

2.3 花生冠腐病病原菌的分子鉴定

为明确病原菌的分类地位,以菌株PA1为研究对象,对其*Tub2*与*CAL*基因片段进行扩增与测序,所得序列长度分别为568 bp和560 bp(图3)。通过Blast程序在GenBank数据库中进行同源性比对,并基于*CAL*和*Tub2*基因串联数据集构建系统发育树。最大似然法分析结果表明,菌株PA1与*Aspergillus niger*聚为一支,支持其分类学归属(图4)。

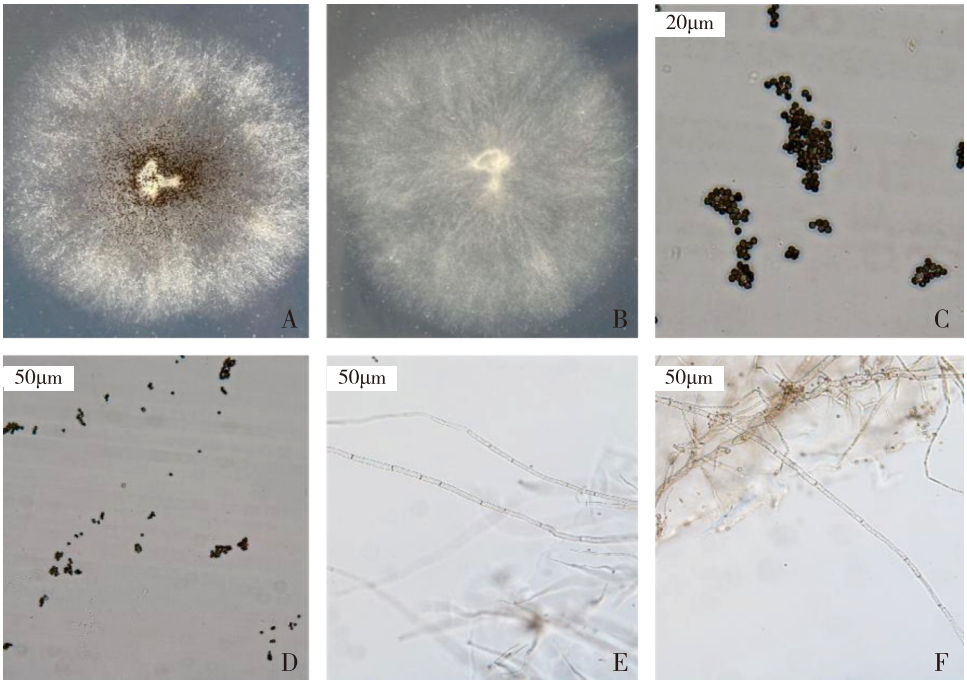
2.4 生物学特性鉴定结果

2.4.1 不同温度对花生冠腐病病原菌生长的影响 通过温度梯度培养发现花生冠腐病病原菌的最适温度为35℃,在此温度下,菌丝生长速率显著高于其他处理($P<0.05$)。病原菌在20℃~40℃范围内均能生长,菌丝长势与温度呈现先升后降的变化规律:在20℃~35℃,菌丝生长速率与温度呈显著正相关,而进入35℃~40℃区间转为负相关(图5)。

2.4.2 不同碳氮源对花生冠腐病病原菌生长的影响 实验结果显示(图6、7),该菌在供试的6种不同碳、氮源的培养基中均表现出生长能力,只有在尿素中没有生长能力,且不同碳、氮源对该菌菌丝生长存在差异。在固定氮源条件下,以单一碳源进行培养时,相较于其他碳源,菌株在乳糖培养基中整体生长状态优异,菌落直径最大,且乳糖处理与甘露醇和可溶性淀粉差异显著($P<0.05$),而在以甘露醇为碳源的培养基中生长明显滞后。在固定碳源的条件下,以单一氮源进行培养,在以胰蛋白胨作为碳源的培养基中,菌株整体生长状态优异,菌落直径最大,且胰蛋白胨处理与酵母、尿素、硫酸铵($P<0.05$),均差异显著,在以酵母为碳源的培养基上生长明显滞后。

2.4.3 不同pH对花生冠腐病病原菌生长的影响 实验结果表明,当培养基pH值为5时,菌落呈现最快的扩展速度,随着pH值的升高,生长速度逐渐下降,pH为6时比pH7时的速度稍慢,pH为10时的生长速度最慢(图8)。培养3 d后,pH5与pH4、pH7、pH8、pH9、pH10存在显著差异($P<0.05$),与pH6之间无明显差异。

2.4.4 花生冠腐病病原菌菌丝致死温度 通过温

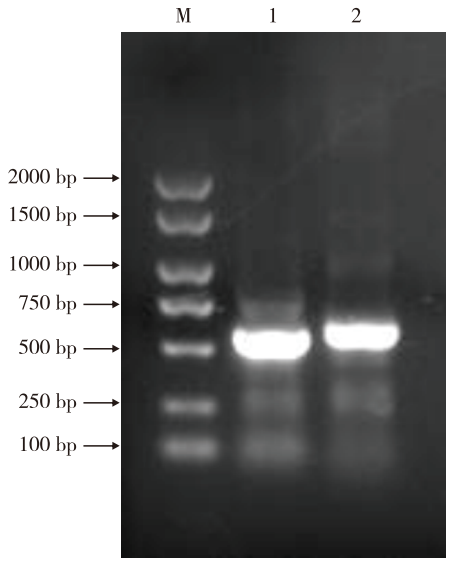


注:A、B:病原菌的菌落形态;C、D:病原孢子形态;E、F:病原菌丝形态

Note: A, B: Morphology of pathogenic colonies; C, D: Morphology of pathogenic spores; E, F: Morphology of pathogenic hyphae

图2 病原菌的形态特征

Fig. 2 Morphological characteristics of the pathogen



注：M: DNA2000 marker; 1: β-*tubulin* 序列（引物 Bt2a/Bt2b); 2: *Calmodulin* 序列（引物 CMD5/CMD6）

Note: M: DNA2000 marker; 1: β-*tubulin* sequence (primers Bt2a/Bt2b); 2: *Calmodulin* sequence (primers CMD5/CMD6)

图3 花生冠腐病病原菌多基因PCR扩增产物电泳图

Fig. 3 Electrophoresis of PCR-amplified products of multiple genes from the peanut crown rot pathogen

度梯度实验发现，在45℃至55℃温度范围内，经10分钟水浴处理，菌丝仍能在PDA培养基上正常生长，但当处理温度达到60℃时，抑制了菌丝的生长能力。因此，可以确定花生冠腐病病原菌菌丝的致死温度为60℃（图9）。

3 讨论与结论

花生冠腐病，主要发生在花生的幼苗期[16]，近年来病害越发严重，一般发病造成缺苗10%，严重的在50%以上[17]。该病害已成为影响我国花生高产稳产的关键限制因子，其发生范围持续扩大，危害程度逐年加剧，会对我国造成严重的损失[11]。在越南[18]、印度[19]等引起花生冠腐病的病原菌为黑曲霉菌（*Aspergillus niger*），国内对于花生冠腐病病原菌的系统研究较少，朱晓峰等[6]、张霞等[9]也认为花生冠腐病是由黑曲霉（*A. niger*）引起，但对于花生冠腐病病原菌的鉴定多基于形态学。本研究采用形态学和分子生物学相结合的方法对辽宁省花生冠腐病病原菌进行了系统鉴定，首次利用系统发育学分析明确了辽宁省花生冠腐病的病原为*Aspergillus niger*，此外测定了病原菌的生物学特性，菌丝生长最适温度为35℃、最适pH为5、最适碳、氮源分别为乳糖和胰蛋白胨，致死温度为60℃。辽宁省与安徽省花生冠腐病的病原种类相同[6]，但病原菌的最适pH和致死温度均不相同，这可能与病原菌的生态适应性有关。辽宁省花生产区主要分布于辽南丘陵沙

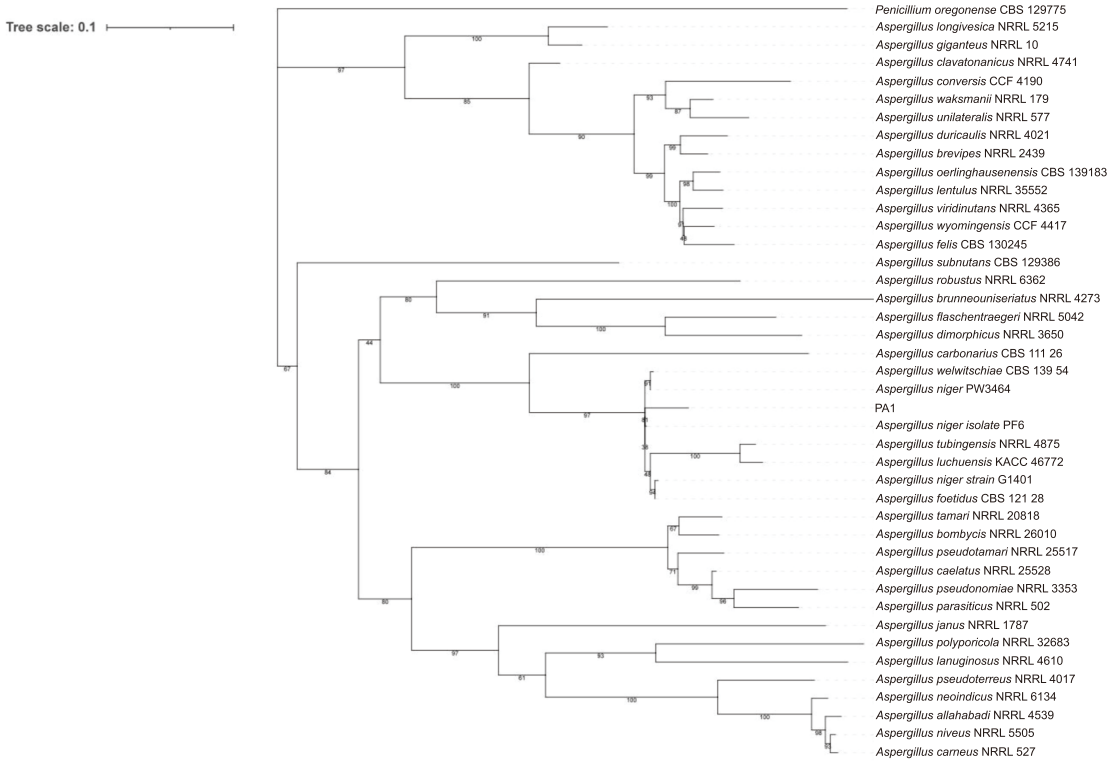


图4 基于多基因联合分析的病原菌系统发育树

Fig. 4 Phylogenetic tree of the pathogen based on concatenated gene sequences

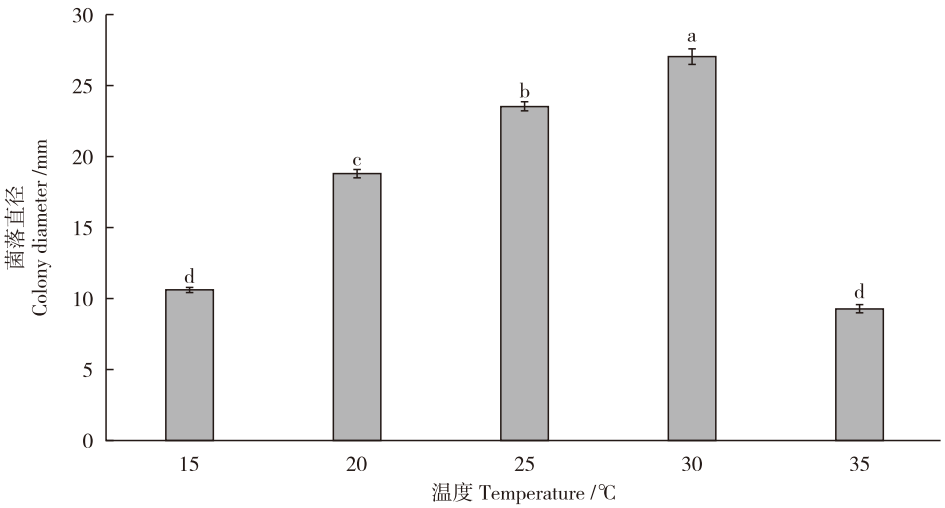


图5 不同温度下病原菌的菌落生长

Fig. 5 Colony growth of the pathogen at different temperatures

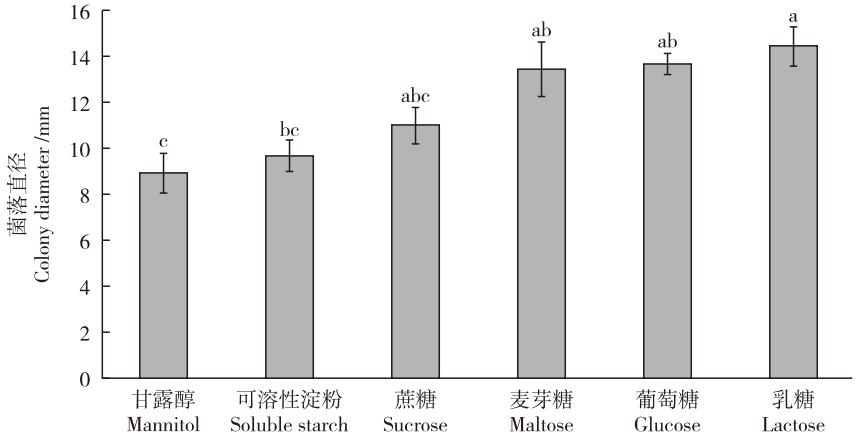


图6 病原菌菌丝对不同碳源的生长响应

Fig. 6 Growth response of the pathogen to different carbon sources

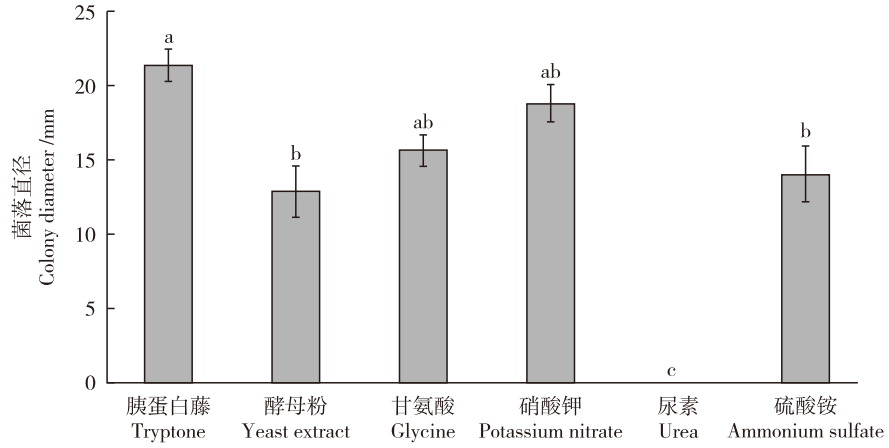


图7 病原菌菌丝对不同氮源的生长响应

Fig. 7 Growth response of the pathogen to different nitrogen sources

地、辽西北风沙区等,土壤多为偏酸性的沙壤土[20],病原菌对酸性土壤的适应性(最适pH=5),使其能够在该地区的土壤环境中竞争优势明显,易于存活和繁殖。同时,辽宁省属于温带半湿润半干旱季风气候,花生生长季(7–8月)气温较高,土壤表层温度常可达30℃以上[21],这为嗜温性(最适35℃)的*A. niger*提供了理想的侵染和发病条件。其60℃的致死温度也表明,该菌的繁殖体(分生孢子)抗逆性强,能

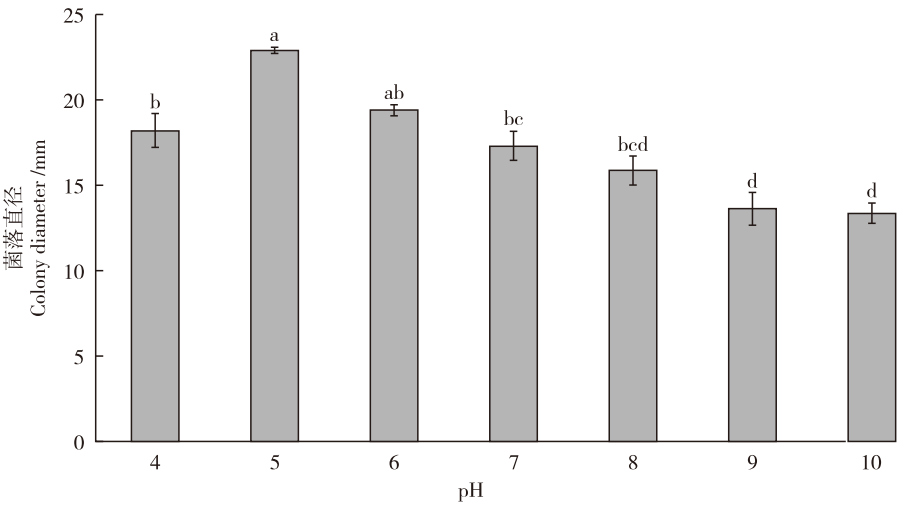


图8 病原菌菌丝在不同pH条件下的生长响应

Fig. 8 Growth response of the pathogen mycelium to varying pH conditions

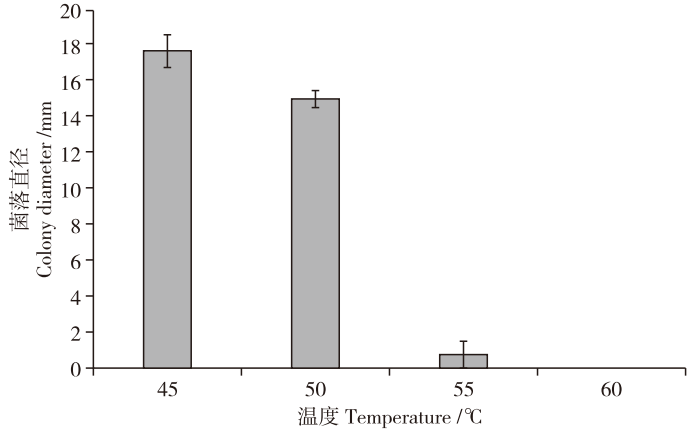


图9 病原菌的致死温度

Fig. 9 Lethal temperature of pathogen

在病残体或土壤中安全越夏、越冬,成为次年病害发生的初侵染源,增加了病害循环的持续性。本研究为之后辽宁省花生种植区冠腐病的防治以及病原致病机制的深入研究奠定了重要的研究基础。

然而,由于病原菌分离样本仅来源于单一试验基地,未覆盖辽宁省全部花生产区。不同产区的土壤类型、气候条件存在显著差异,可能导致病原组成存在多样性,单一产区的研究结果难以全面反映辽宁省花生冠腐病的病原分布特征。因此后续需要扩大采样范围,系统采集辽南丘陵沙地、辽西北风沙区、辽东半岛等辽宁省主要花生产区的病株样本,分离鉴定病原菌,从而进一步研究辽宁省花生冠腐病病原的遗传多样性及地域分布规律。

参考文献:

[1] 廖伯寿. 我国花生生产发展现状与潜力分析[J]. 中国油料作物学报, 2020, 42(2): 161-166. DOI: 10.19802/j.issn.1007-9084.2020115.

[2] 王瑞元. 我国花生生产、加工及发展情况[J]. 中国油脂, 2020, 45(4): 1-3. DOI: 10.12166/j.zgyz.1003-7969/2020.04.001.

[3] 黄玉茜, 刘欣宇, 林英, 等. 辽宁风沙土区连作年限对花生植株性状、产量及主要病害的影响[J]. 沈阳农业大学学报, 2018, 49(4): 459-464. DOI: 10.3969/j.issn.1000-1700.2018.04.011.

[4] 王永慧,杨久涛,彭科研,等.中国花生产业现状及展望[J].农业展望,2024,20(8):86-91.

[5] 黄微. 东北产区花生产业发展解析与展望[J]. 民主与科学, 2024(5): 20-22.

[6] 朱晓峰, 王嵩, 姜涛, 等. 花生冠腐病病原菌的分离鉴定及生物学特性研究[J]. 安徽农业科学, 2025, 53(1): 133-136. DOI: 10.3969/j.issn.0517-6611.2025.01.027.

[7] 谢长营,吴晓军.宜阳县花生冠腐病发病规律及防治对策[J]. 河南农业, 2014, (13): 33.. DOI: 10.3969/j.issn.1006-950X.2014.13.028

[8] 宋敏, 吴翠霞, 张勇, 等. 精甲霜灵·咯菌腈·嘧菌酯

防治花生苗期土传真菌病害效果研究[J]. 农学学报, 2023, 13(1): 6-10.

[9] 张霞, 许曼琳, 于静, 等. 暹罗芽孢杆菌ZHX-10对花生冠腐病的生防效果[J]. 花生学报, 2020, 49(4): 52-56. DOI:10.14001/j.issn.1002-4093.2020.04.008.

[10] 李杨, 高志山, 李建涛, 等. 戊唑醇等四种杀菌剂防治花生冠腐病应用研究[J]. 花生学报, 2012, 41(2): 13-19. DOI:10.14001/j.issn.1002-4093.2012.02.003.

[11] 巩佳莉, 孙东雷, 卞能飞, 等. 花生冠腐病抗病性快速鉴定方法的建立及应用[J]. 贵州农业科学, 2024, 52 (7): 46-52. DOI: 10.3969/j. issn. 1001-3601.2024.07.007.

[12] 韩宁, 孙继军, 史普想, 等. 辽宁省花生焦斑病病原菌分离鉴定及其生物学特性[J]. 中国油料作物学报, 2024, 46(1): 175-181. DOI: 10.19802/j. issn. 1007-9084.2022211.

[13] Raja H A, Miller A N, Pearce C J, et al. Fungal identification using molecular tools: a primer for the natural products research community[J]. J Nat Prod, 2017, 80(3): 756-770. DOI:10.1021/acs.jnatprod.6b01085.

[14] Rader R B, Unmack P J, Moore J N. Population genetics and dispersal of the flatworm, *Polycelis coronata*: a test of the habitat stability hypothesis[J]. J Freshw Ecol, 2017, 32(1): 179-192. DOI:10.1080/02705060.2016.1253624.

[15] Felsenstein J. Evolutionary trees from DNA sequences: a maximum likelihood approach[J]. J Mol Evol, 1981, 17(6): 368-376. DOI:10.1007/bf01734359.

[16] Haggag W M, Timmusk S. Colonization of peanut roots by biofilm-forming *Paenibacillus polymyxa* initiates biocontrol against crown rot disease[J]. J Appl Microbiol, 2008, 104 (4): 961-969. DOI: 10.1111/j. 1365-2672.2007.03611.x.

[17] 徐晓东, 王华杰. 花生冠腐病的发生规律及其防治对策[J]. 河南农业, 2013(11): 24.

[18] Nguyen X H, Nguyen T M N, Nguyen D H, et al. Identification and characterization of *Aspergillus niger* causing collar rot of groundnut (*Arachis* hypogaea)[J]. Biodiversitas, 2023, 24 (5): 2556. DOI: 10.13057/biodiv/d240507.

[19] Bajaya T, Bajya M, Ghasolia R P, et al. Incidence of collar rot of groundnut in Rajasthan and its management [J]. Legume Res Int J, 2022: 45 (7): 921. DOI: 10.18805/lr-4864.

[20] 夏桂敏, 樊龙江, 黄亚男, 等. 有机无机肥配施改善辽西北风沙区花生氮素积累、产量及品质[J]. 中国油料作物学报, 2025, 47(2): 450-460. DOI:10.19802/j.issn.1007-9084.2024127.

[21] 李玉霖, 崔建垣. 科尔沁沙地风沙土地温特征及其分析[J]. 中国沙漠, 2000, 20(S1): 43-45.

(责任编辑:胡志勇)