

2025年中国林木病理学研究重要进展

杨玉璋 刘端冲 阙煜文 窦桂铭 王慧敏 吕全*

(中国林业科学研究院森林生态环境与自然保护研究所, 国家林业和草原局森林保护学重点实验室, 北京 100091)

摘要: 本文系统整理了2025年中国林木病理学研究领域的主要成果, 旨在把握学科发展动态和前沿热点, 推动多学科交叉融合, 助力突破核心技术瓶颈。2025年度中国科研人员在侵染性和非侵染性林木病害成因、病原分类及演化、致病因子作用机制、林木抗性资源及机制、以及综合防控体系支撑技术等方面取得了诸多显著进展。其中包括: 出版《菌物分类学》专著; 阐明松材线虫效应因子、真菌毒素合成基因等作用机制; 深度挖掘杨属 *Populus* L. 和松属 *Pinus* L. 等林木抗性基因及调控模块; 优化病害检测、监测和防控技术等。当前, 现代信息技术、生物技术和材料科学等多领域、多学科交叉融合, 正持续驱动林木病理学快速发展, 助力构建林木病害的综合防控体系, 为林业产业高质量发展提供科技支撑。对研究进展的阶段性总结、归纳和提炼, 对于把握学科方向、聚焦国际前沿、推进科研攻关与技术服务落地具有重要意义, 有助于更好地落实国家科技部署、完成重大战略任务, 推动生态文明建设纵深发展。

关键词: 林木; 侵染性病害; 非侵染性病害; 致病机制; 抗性; 防控技术

中图分类号: S736.11 文献标识码: A 文章编号: 2097-5279(2026)01-0001-18

Important research advances of forest pathology in China in 2025

Yang Yuzhang Liu Duanchong Que Yuwen Dou Guiming Wang Huimin Lyu Quan*

(Key Laboratory of Forest Protection of National Forestry and Grassland Administration, Ecology and Nature Conservation Institute, Chinese Academy of Forestry, Beijing 100091, China)

Abstract: This review systematically collates the major research achievements in the field of forest pathology in China in 2025, aiming to grasp the development dynamics and cutting-edge research hotspots of the discipline, promote interdisciplinary integration, and drive the breakthrough of bottlenecks in core technologies. In 2025, Chinese researchers made remarkable progress in multiple aspects, such as the classification and evolution of infectious and non-infectious forest diseases and pathogen, the mechanisms of action of virulence factors, forest tree resistance resources and mechanisms, and supporting technologies for the integrated disease management system, which includes the publication of monograph *Taxonomy of Fungi*, the clarification of the functional mechanisms of pine wood nematode effectors and fungal toxin synthesis genes, the in-depth exploration of resistance genes and regulatory modules in tree species such as *Populus* L. (poplar) and *Pinus* L. (pine), and the optimization of disease detection, monitoring, and management technologies. Currently, the multi-field and interdisciplinary cross integration of modern information technology, biotechnology and materials science is continuously driving the high-quality development of forest pathology, facilitating the construction of an integrated management system for forest tree diseases and providing scientific and technological support for the high-quality development of the forestry industry. The periodic summary, induction, and refinement of research advances are of great significance for clarifying disciplinary development orientations, focusing on the international frontiers, advancing scientific research breakthroughs, and promoting the practical implementation of technical services. Furthermore, these efforts contribute to the effective implementation of national science and technology deployments, the fulfillment of major strategic tasks, and the in-depth development of ecological civilization construction.

收稿日期: 2025-12-12; 修回日期: 2026-01-16。

基金项目: 国家自然科学基金青年项目 (32201569); 中国林业科学研究院基本科研业务费专项 (CAFYBB2023XA001)。

* 通信作者: 吕全 (E-mail: Luquan@caf.ac.cn), 研究员。

引文格式: 杨玉璋, 刘端冲, 阙煜文, 等. 2025年中国林木病理学研究重要进展[J]. 树木医学, 3(1): 1-18.

Yang Y Z, Liu D C, Que Y W, et al. 2026. Important research advances of forest pathology in China in 2025[J]. Tree Health, 3(1): 1-18.

Keywords: forest; infectious disease; non-infectious disease; pathogenic mechanism; disease resistance; disease management technology

近年来,受全球气候变化、国际地区贸易频繁流通以及人工纯林健康韧性不足等影响,生物胁迫造成的林木侵染性病害在中国持续高位发生。松材线虫 *Bursaphelenchus xylophilus* (Steiner et Buhner) Nickle 作为唯一的一级危害性林业有害生物,其引起的松材线虫病仍在全国范围内严重危害松林,造成巨大的生态、经济和社会损失(理永霞等, 2025)。同时,防护林、用材林、经济林等的溃疡、烂皮、枯梢、落针、炭疽、青枯、黑斑等病害在局部地区中重度发生(闫佳钰等, 2025)。随着松树 *Pinus L.* 钻蛀性害虫在全国多地暴发成灾,其携带传播病原菌、形成病虫复合危害也不容忽视(王慧敏等, 2025a)。另外,除以全球变暖为主要特征的气候变化外,极端气候条件频现,包括高温、干旱、热浪、飓风、冰雪等;气候、污染等为主的环境胁迫造成的非侵染性病害,也在多地频繁发生(庄宇彤等, 2025),威胁包括森林、湿地和荒漠系统在内的林业资源安全和生态建设成果。

2025 年是国家“十四五”规划收官之年,在各级政府及有关部门高度重视下,社会各个层面通力合作,实现了松材线虫病疫情“四下降”,取得可喜的成绩;但总体上,林业病害的发生面积和危害程度仍处于高位(闫佳钰等, 2025)。这种局面短期内难以得到根本扭转。新时期林业建设的主要任务是为国家“双碳”目标的实现做出重大贡献,然而包括林木病害在内的森林病、虫危害,已经导致严重受损林分从“碳汇”转为“碳源”(陈汝婷和迟德富, 2025)。

依托现代分子生物学等技术,深入阐明林木病害新病原的分类及演化、致病因子的致病机制、林木抗病机制(图 1),能够为后续林木病害防控技术的开发,进而为国家“双碳”目标的实现奠定科学基础。通过系统检索 2025 年度中国学者在国内外主流学术期刊发表的研究成果,本文梳理了本年度我国林木病理学科主要研究进展和亮点。新时期,学科正朝着多学科交叉融合方向发展,包括以激光雷达、高光谱遥感为代表的高通量、高精度的林木病害监测技术,基于 RNAi 和基因编辑的遗传防控技术,以及基于纳米载药的精准给药技术等现代信息、生物和材料新技术融合,正在助力林木病理学的迅速发展。2025 年中国森林病理学持续深耕,主要在针、阔叶林病害病原分类学、致病因子致病机制、林木抗病机制,以及病害检测、动态监测和绿色防控技术等方面不断取得突破性进展;同时针对 19 种(类)重大林木病害的致病机理与防控技术研究取得显著进展。但学科原创性仍有待加强,非侵染性病害的系统性认知仍需深化,入侵物种全球群体遗传结构与互作机制的研究,亟需纳入入侵生物全球合作框架。在学科研究方法上,亟待突破因林木长生命周期特性而产生的模式试验体系瓶颈。加强学科关键科学问题的基础研究,创新研发新型防控技术措施,通过科学防控、生态修复与全社会参与,助力减轻林木病害危害,为实现从被动防治到战略防御的根本性转变提供借鉴和科技支撑。

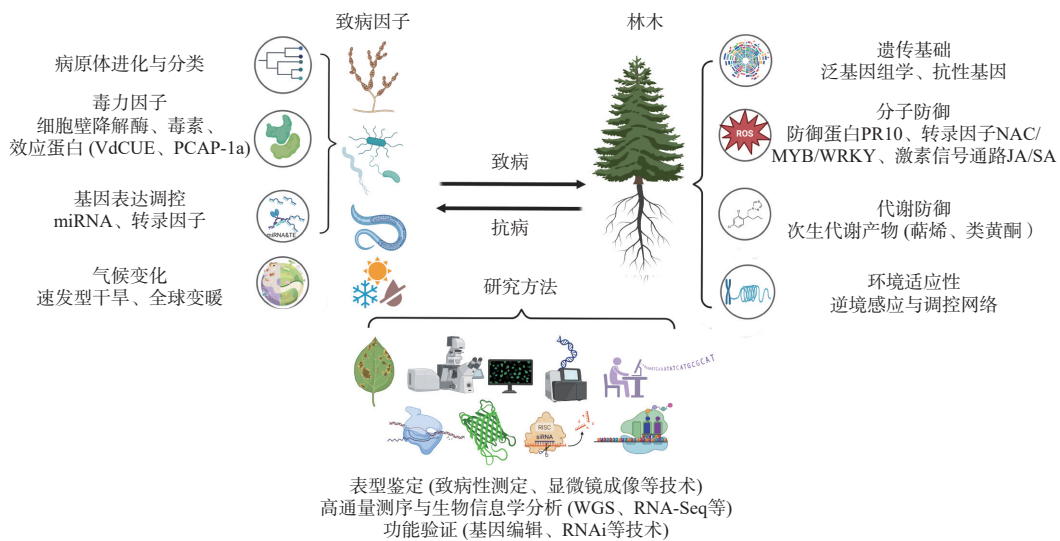


图 1 林木病害病原与寄主互作的解析框架

Fig. 1 Elucidation framework for pathogen-host interaction in forest tree diseases

1 林木病害新病原分类及演化

随着病原微生物分类体系的逐步完善,新的分类单元和病害新病原不断被发现,其中菌物新分类单元的发现尤为活跃。《菌物分类学》(田呈明等, 2025)系统整理了原生动植物界、藻物界和真菌界共16门29纲94目276科800余属的菌物类群,涵盖了农林业常见的病原菌属,全面反映了学科最新发展成果。壳囊孢属 *Cytospora* Ehrenb.引起的烂皮、枝枯病在全国广泛分布,西藏自治区、新疆维吾尔自治区等地发现危害杨属 *Populus* L.、柳属 *Salix* L.、苹果属 *Malus* L.等的20余个新种(Jiang et al., 2025a; 王硕, 2025);西藏自治区、海南省等地高山栎 *Quercus semecarpifolia* Sm.枝枯、大萼栎 *Quercus macrocalyx* Hickel & A. Camus 叶斑等病害组织样本中,发现间座壳座科 Diaporthostomataceae 的新属和多个新种(Jiang et al., 2025b),表明这些地区作为研究生物多样性的热点地区,在林木菌物资源中也存在大量认识空白。

基于形态特征观察与系统发育分析,从山东省、浙江省和广东省3个气候差异区域的200余份松针病害样本中,鉴定出拟盘多毛孢属 *Pestalotiopsis* Steyaert 6个新物种(Wang et al., 2025a);明确了广东省桑树 *Morus alba* L.叶斑病的致病菌为桑假尾孢 *Pseudocercospora mori* (Hara) Deighton, 该菌隶属于球腔菌科 Mycosphaerellaceae, 是危害桑树生长的主要病原物(Qazi et al., 2025);湖北省水杉 *Metasequoia glyptostroboides* Hu & W.C. Cheng 感病植株的检测结果显示,其根部与树干的致病菌分别为镰刀菌属 *Fusarium* Link 和新赤壳属 *Neocosmospora* E.F. Sm.。与单独接种槭树疫霉 *Phytophthora acerina* Ginetti, T. Jung, D.E.L. Cooke & Moricca 的病斑面积相比,藤仓镰孢菌 *F. fujikuroi* Nirenberg、网镰孢菌 *F. reticulatum* Mont. 与槭树疫霉3种病原菌混合接种后的病斑面积更大,表明存在多种病原菌复合侵染导致水杉衰退的可能性(Liu et al., 2025a)。发现入侵害虫长林小蠹 *Hylurgus ligniperda* Fabricius 与多种长喙壳类真菌伴生,包括6个新种,其中不乏主要林木病原菌(Xie et al., 2025a)。利用SSR分子标记对桉树 *Eucalyptus robusta* Sm. 焦枯病菌(*Calonectria pseudoreteauidii* L. Lombard, M.J. Wingf. & Crous)的8个种群311株病原菌分离物进行基因分型,并通过MAT基因引物鉴定交配型,探究其遗传多样性及种群结构。所有病菌供试种群的遗传多样性较高,除广东省惠州市7HZ种群外,其余种群无显著分化,7HZ种群与其他种群分化明显(Li et al., 2025a)。

病原菌全基因组数据的获得和分析,以及比较

基因组学研究,为理解林木病原菌的致病机制和演化提供了分子基础。基因组分析显示,松属植物枯梢病主要致病菌杉色二孢 *Diplodia sapinea* (Fr.) P. Karst. (同物异名: *D. pinea*、*Sphaeria sapinea*)与皮质壳色二孢菌 *D. corticola* A.J.L. Phillips, A. Alves & J. Luque 和壳色二孢菌 *D. seriata* De Not. 的进化关系密切(Wang et al., 2025b)。胶孢炭疽菌 *Colletotrichum gloeosporioides* (Penz.) Penz. & Sacc. 复合种(*Colletotrichum gloeosporioides* species complex, CGSC)是危害最严重的植物病原真菌类群之一。对来自37个包含林木、草本植物等不同宿主范围物种的49个菌株的全基因组序列组装分析发现,转座元件(尤其是长末端重复逆转录转座子)的扩增,推动了该菌基因组规模的扩张与遗传变异的产生(Ma et al., 2025a)。桉树叶枯病菌(*Calonectria eucalypti* L. Lombard, M.J. Wingf. & Crous)基因组存在60个扩张的基因家族和8个物种特异性基因簇,主要富集于与毒力相关的功能(Liu et al., 2025b)。病原菌演化研究显示,立木腐朽的主要病原菌,锈革孔菌科 Hymenochaetaceae 核心属锈迷孔菌属 *Porodaedalea* Murrill 的祖先可能现于晚白垩世,多数物种形成于新近纪的中新世至上新世,起源于亚洲,并在北半球辐射分化。其演化过程中发生10次全球扩散事件和5次全球隔离事件,最终地理隔离与宿主偏好为其物种提供了相应生态位(Zhao et al., 2025a)。全基因组重测序分析显示,分布于黑龙江省、内蒙古自治区和吉林省的23个落叶松 *Larix gmelinii* (Rupr.) Kuzen. 新壳梭孢菌 *Neofusicoccum laricinum* (Sawada) Y. Hattori & C. Nakash. 菌株存在明显的遗传分化,且分化特征与地理起源和气候条件一致,其区域特异性变异与ATP结合、氧化还原酶活性及细胞分裂相关基因相关联(Pan et al., 2025),体现了其快速适应环境的能力。对209株间座壳目 Diaporthales 真菌菌株开展形态学观察、基因组系统发育分析及分子钟估算,证实该目起源时间较早,干群平均分化时间达1.815亿年前,共包含35个科,并进一步描述了5个新属、55个新种及32个新寄主记录等多个新分类单元与新记录类群(Zhang et al., 2025a)。

高通量微生物组分析在厘清病害关键致病种类中发挥了重要作用。我国东南部亚热带广泛分布甜槠 *Castanopsis eyrei* (Champ. ex Benth.) Tutch. 其叶际真菌多样性高而细菌多样性低,且生物量与叶际病原菌多样性呈负相关。幼苗期叶围微生物共现网络最复杂,其中再腐霉属 *Recurvomyces* Selbmann & de Hoog 关键病原真菌,在所有树龄阶段的微生物网络

中均扮演着模块核心物种与跨界连接物种的双重角色(Xie et al., 2025b)。通过真菌群落分析,发现子囊菌门 Ascomycota 和担子菌门 Basidiomycota 是山核桃 *Carya cathayensis* Sarg 根际土、非根际土及根组织中的主要真菌群落(Su et al., 2025)。潜在致病真菌的分布呈现特定模式,担子菌门在健康根组织丰度更高,子囊菌门在病根和死根中富集。另外,炭团菌属 *Xylaria* Hill ex Schrank 等优势真菌主要存在于病树和死树中,且多为已知根腐病菌(Su et al., 2025)。

2 致病因子作用机制

2.1 线虫病原物致病机制

松材线虫扩散至原本认为适生度低的东北区域,引发了对当地生态安全的担忧。接种试验表明,在红松 *Pinus koraiensis* Siebold & Zucc.、油松 *P. tabuliformis* Carrière 和日本落叶松 *Larix kaempferi* (Lamb.) Carrière 3 种苗木中,松材线虫均可短期内迅速定殖并移动到全株;在红松体内移动能力强于油松和日本落叶松,且对红松的致病性最强,表明病原在寄主体内的扩散速度是致病性的重要因素(李德斌等, 2025)。进一步研究认为,松材线虫在宿主体内的迁移行为及其动态分布特征决定了病害进展速度,也在一定程度上制约了病原检测时机的把握(陈婷婷, 2025)。研究发现,在同一地块同一树种的赤松 *P. densiflora* Siebold & Zucc. 和黑松 *P. thunbergii* Parl. 家系中,松树抗病性越强,从中分离的松材线虫虫株单一活体培养繁殖量越低,且线虫的繁殖力分化规律在两树种中一致,而从这些抗性松树中分离的松材线虫存在致病力分化(王俊伟等, 2025)。在松材线虫的胁迫下,寄主防御酶系统在感病后期依然发挥调控效应,而渗透调节物质、次生代谢产物和内源激素随着病害程度加深,其调控作用逐渐减弱(王建国等, 2025),表明松材线虫可能破坏红松中特定的防御系统。松材线虫的致病性受蛋白质、阿糖神经苷等多种效应因子驱动,这类物质可通过调控寄主防御及免疫反应促进病害发展(Song et al., 2025a)。同时,其生殖系发育缺陷基因 1(*Bxy-gld-1*) 被证实为调控线虫生殖系细胞命运的关键基因,可影响生殖细胞有丝分裂向减数分裂的转变、卵母细胞发育及线虫寿命(Shao et al., 2025)。拟松材线虫作为松材线虫的姊妹种及伴生种,其致病性和种间互作一直受到重视。克隆获得拟松材线虫类毒液过敏原蛋白基因 *Bm-vap-1*, 编码蛋白为含 CAP 结构域的分泌型蛋白,与多种线虫 VAP 蛋白同源性较高;该基因在成虫中表达量较高,

且特异定位于食道腺,推测 *Bm-vap-1* 蛋白可能在拟松材线虫寄生过程中分泌至体外,参与线虫与寄主互作(李莉等, 2025)。采用生物数学方法揭示了松材线虫病多点暴发、时空聚集的特征,以及媒介昆虫松墨天牛 *Monochamus alternatus* Hope 与天敌昆虫花绒寄甲 *Dastarcus helophoroides* (Fairmaire) 种群周期性振荡的规律,并且暴发频率和规模可能受到外界气候等环境因素的影响(Li et al., 2025b)。

2.2 真菌病原物致病机制

基因组与转录组分析揭示了多种林木真菌病原菌的致病相关特征。在樟子松 *Pinus sylvestris* var. *mongolica* Litv. 枯梢病病原菌杉色二孢侵染过程中,多个细胞壁降解酶基因显著上调,可能参与寄主响应生物胁迫,同时樟子松体内抗氧化通路相关基因表达量升高。基于差异表达基因构建的蛋白质互作网络形成 3 个高互作基因簇,推测与病原菌繁殖相关(Wang et al., 2025c)。从林木根腐病致病菌高卢蜜环菌 *Armillaria gallica* Marxm. & Romagn. 的基因组中,鉴定出大量参与宿主互作和碳水化合物代谢的基因(Luo et al., 2025a);苹果褐斑病致病菌冠盘二孢 *Marssonina coronaria* (Ellis & Davis) Davis 的基因组也完成组装,从中鉴定出 97 个候选效应子蛋白 CEPs,其中 8 个 CEPs 可显著抑制 BAX(Bcl-2 associated X protein)诱导的细胞死亡,4 个还能抑制 flg22(Flagellin 22)触发的活性氧爆发。研究发现,含 NPP1 结构域的 McNLP1 和 McCEP3 为依赖信号肽的细胞死亡诱导效应子,且 McCEP3 在子囊菌门中进化保守,其在苹果黑腐皮壳菌 *Valsa mali* Miyabe & G. Yamada 中的同源基因 *VmMcCEP3* 可跨物种诱导本氏烟草 *Nicotiana benthamiana* Domin 细胞死亡,且该过程不依赖 BAK1/SOBIR1 受体激酶(Guo et al., 2025)。

真菌病原菌的寄主特异性与致病特征由多个基因和蛋白调控。由金黄壳囊孢 *C. chrysosperma* (Pers.) Fr. 引起的杨树烂皮病在全球范围内广泛分布。研究发现海藻糖合成相关基因(*CcTps1*、*CcTps2*、*CcTps3*) 缺失的突变体中海藻糖合成能力下降,菌丝生长和产孢受抑制,对杨树枝条的致病力减弱,且会激发杨树更强的防御反应(Xu et al., 2025)。胶孢炭疽菌中由 CgDbf2 与 CgMob1 组成的有丝分裂退出过程(MEN)通路核心复合体,可通过磷酸化 CgCdc14 调控细胞壁完整性与活性氧应激响应,进而提升病原菌侵染能力(Yang et al., 2025a);SWI/SNF 复合物亚基 CgSwi1 定位于细胞核且在侵染阶段高表达,其通过维持病原菌活性氧稳态,调控生长、侵染结构发育及抗逆性,

进而保障致病性并避免触发宿主免疫反应(Yuan et al., 2025a)。在油茶 *Camellia oleifera* Abel 炭疽菌果生刺盘孢 *C. fructicola* Prihast., L. Cai & K.D. Hyde 中, bZIP 转录因子 CfHac1 可通过非常规剪接调控泛素连接酶基因 *CfHRD1* 和 *CfHRD3* 的表达, 介导内质网相关错误折叠蛋白的泛素化降解, 进而调控病菌的产孢、附着胞形成及致病力(Li et al., 2025c); Rab 家族小 GTP 酶 CfRab6 通过介导囊泡运输调控菌株生长、分生孢子形成及致病性, 其功能依赖 GDP/GTP 基序, 且受 CfRic1 和 CfRgp1(保守 GEFs)调控(Zhang et al., 2025b); *CfSet2* 和 *CfSet9* 可分别调控 H3K36 二甲基化(H3K36me2)和 H4K20 三甲基化(H4K20me3)的水平, 敲除这 2 个基因后均显著抑制产孢、附着胞形成及致病力(王慧欣等, 2025; 雷美等, 2025)。在栗疫病菌 *Cryphonectria parasitica* (Murrill) M.E. Barr 中, CpSge1 可直接结合 *CpPL1* 和 *CpMF1* 的启动子区域, 是病菌生长、胁迫耐受、基因表达及毒力的核心调控因子(Lin et al., 2025); m6A 去甲基化酶 CpALKBH 以 m6A 依赖方式调控转录因子 CpZap1 的 mRNA 稳定性, 且 CpZap1 的甲基化受 CpALKBH 与 CpMTA1 共同调控, 敲除 *CpALKBH* 会导致病菌 m6A 水平升高和生长、产孢和毒力下降(Zhao et al., 2025b)。苹果黑腐皮壳菌和梨黑腐皮壳菌 *V. pyri* (Sacc.) Fuckel 分别优先定殖于苹果树 *Malus domestica* (Suckow) Borkh. 和梨树 *Pyrus* spp., 两者差异的次生代谢产物生物合成基因簇可能是寄主偏好的关键决定因素。其中 *VmPKS5* 基因是调控苹果黑腐皮壳菌合成毒素对香豆酸乙酯(p-CAEE)的关键基因, 其功能直接影响病菌对苹果树的寄主偏好性与毒力。该基因在梨黑腐皮壳菌中的异源表达能赋予其合成 p-CAEE 的能力并增强对苹果树的侵染力(Tang et al., 2025), 证实了 p-CAEE 及 *VmPKS5* 基因在病原菌寄主特异性定殖中的核心作用。橡胶树 *Hevea brasiliensis* (Willd. ex A.Juss.) Müll.Arg. 白粉病菌 *Erysiphe quercicola* S. Takam. & U. Braun 中的 *EqDCL1*、*EqDCL2* 在附着胞形成高峰期诱导表达, 沉默 1 个或 2 个基因均能显著降低病菌致病力并增强植物免疫应答, 证实 *EqDCLs* 是该病菌侵染过程的关键因子(He et al., 2025a)。

2.3 细菌病原物致病机制

柑橘黄龙病(Huanglongbing, HLB)由亚洲韧皮部杆菌 *Candidatus Liberibacter asiaticus*(CLAs)引起, 主要通过木虱 *Diaphorina citri* Kuwayama 等媒介传播。CLAs 分泌的效应蛋白 SDE5 通过双重抑制作用使甜橙 *Citrus sinensis* (L.) Osbeck 株系的萜类挥发性物质释放

量显著下降, 进而增强木虱的寄主吸引力, 提升其生存适合度(Zhao et al., 2025c), 从而产生致病效果。欧美杨细菌性溃疡病原菌 *Lonsdalea populi* (Brady) Li 基因组中 Prc 蛋白含 TSPn、PDZ、PEP、DUF 4 个结构域, 其中前三者是菌株致病过程的关键功能元件。Prc 蛋白可与膜蛋白 YccA 交互, 通过调控菌株的生物膜形成能力与运动能力(Ming et al., 2025), 进而影响其致病力。猕猴桃 *Actinidia chinensis* Planch. 夏季溃疡病菌 *Pectobacterium actinidiae* Portier 的胞外多糖 PCAP-1a 具有显著细胞毒性, 是促进病菌侵染的毒力因子; GX1 菌株含 21 个基因组成的胞外多糖生物合成基因簇, 其中 *RmlA* 基因在 PCAP-1a 的合成途径中发挥核心调控作用, 敲除 *RmlA* 基因会显著降低 PCAP-1a 产量并直接导致致病力下降, 且 *RmlA* 蛋白底物结合位点突变会削弱其与葡萄糖-1-磷酸(G-1-P)和脱氧胸苷三磷酸(Deoxythymidine-5'-triphosphate, dTTP)的结合能力, 进而降低菌株致病力(Yuan et al., 2025b)。猕猴桃溃疡病菌 *Pseudomonas syringae* pv. *actinidiae* (Psa) 中编码热休克蛋白同源物的 *RS16350* 基因仅在 16 °C 低温下作为致病力正调控因子, 在 28 °C 最适生长温度下无此功能; 研究发现, 该基因编码蛋白可与依赖 RpoN 的 σ 因子 HrpL(调控 III 型分泌系统 T3SS 表达)发生物理相互作用, 增强 HrpL 与 hrp-box 启动子元件的结合亲和力, 进而上调 T3SS 效应子基因表达以提升毒力(He et al., 2025b)。借助 Psa-GFP 标记菌株发现, Psa 以木质部导管为主要传播通道, 通过突破纹孔膜实现导管间迁移, 而在韧皮部中通过适应性改变形态穿过筛孔完成扩散; 茎与茎或茎与叶的连接部位, 枝迹或叶迹为病原菌的器官间转运提供了关键通道(Tian et al., 2025), 推动了病害的系统性发展。

2.4 非侵染性病害致病机制

研究发现, 过去 40 年全球森林遭遇更快、更强、更持久的速发型干旱(Pang et al., 2025)。人工林因适应快速干旱胁迫能力不足, 比天然林更易衰退, 且现有追求生态服务最大化的经营措施进一步加剧了人工林的脆弱性(Pang et al., 2025); 纯阔叶林相较于其他林型, 以及较高树高、陡坡、遮阴立地的林分更易受雪和冰雹的灾害(Liu et al., 2025c)。随着全球气候变暖和降水格局改变, 中国“三北”防护林出现明显退化现象, 这已成为防护林建设面临的核心挑战。采用树木年代学方法, 测定了健康与退化樟子松及杨属 *Populus* L. 树木的基面积生长量和年轮宽度, 分析其对气候因子的响应及干旱期生态抗性, 发现干旱和降水是导致樟子松与杨属树木退化的主要气候因子,

退化植株相较于健康植株对气候变化更敏感(袁超峰等, 2025)。调查北京市80种园林树木及6类典型生境发现, 71.7% 树木处于亚健康及以下等级, 树种适应性与生境异质性对树木健康影响显著, 其中银杏 *Ginkgo biloba* L.、二球悬铃木 *Platanus acerifolia* (Aiton) Willd. 等树种的都市适应力较强, 近水体生境叶部病虫害高发, 树池生境树势衰退最为显著(赵小玉等, 2025)。

多种非侵染性胁迫可引发林木显著的生理代谢紊乱与基因表达模式改变。锰胁迫会导致苹果幼苗过氧化氢积累、营养失衡、光合色素降解、光合作用受损, 生长受到显著抑制; 转录组分析发现458个差异表达基因, 包括金属结合蛋白相关基因, 主要富集于细胞壁生物合成、苯丙烷生物合成及脂肪酸延长等关键通路(Xie et al., 2025c)。4℃低温处理2个月龄的核桃 *Juglans regia* L. 实生苗后, 其叶片电导率、丙二醛(MDA)含量显著升高, 最大光化学效率显著降低; 转录组比较分析显示差异表达基因主要富集于多糖代谢、脱落酸响应及苯丙烷生物合成途径, 结合miRNA测序还鉴定出1052个低温响应miRNA, 筛选出244个受其调控的靶基因, 功能富集于淀粉蔗糖代谢、乙醛酸和二羧酸代谢及甘油磷脂生物合成等通路(Zhao et al., 2025d)。通过农杆菌介导法将Lol-miR11467转入日本落叶松3号×兴安落叶松9号 *L. kaempferi* (Lamb.) Carrière 3×*L. gmelinii* (Rupr.) Kuzen. 9的胚性愈伤组织后, PEG模拟干旱胁迫下, 过表达该miRNA的愈伤组织鲜重、过氧化物酶活性、可溶性蛋白及可溶性糖含量均低于野生型, MDA含量则显著升高, 且苯丙烷代谢、氧化还原酶通路相关基因呈下调趋势(Zhang et al., 2025c)。在非侵染性病害对林木的致病效应研究中, 国内学者的关注重点多为林木的生理变化, 而对其致病机制的解析研究仍较为薄弱。

3 林木抗性资源及机制

3.1 林木抗性资源

基因组、泛基因组和重测序研究为挖掘林木抗性资源提供了关键支撑。通过构建22份茶树 *Camellia sinensis* (L.) Kuntze 及近缘野生种的泛基因组并分析275份材料的群体结构变异, 发现22%的基因启动子变异会影响次生代谢物合成, *CtLRR1* 启动子的159 bp插入则降低野生茶树对胶孢炭疽菌的抗性(Tao et al., 2025a), 证实了结构变异在茶树驯化中适应性演化调控方面发挥核心作用。对涵盖主要进化支系和地理区域的30个苹果属 *Malus* 基因组(20个二倍体、10个多倍体)物种进行测序组装后, 基于泛基因组捕获物种

共有及特异性结构变异, 开发出由交链格孢 *Alternaria alternata* (Fr.) Keissl. 引起的苹果黑星病(apple scab)抗性分子标记, 并鉴定出驯化过程中的一个 *MdMYB5* 基因突变, 该突变导致苹果抗病性降低(Li et al., 2025d)。通过组装桑树栽培品种NS14(抗病)与QS1(感病)的单倍体基因组, 结合376份种质资源的群体遗传学分析, 明确桑树起源于云贵高原, 随后从中国南部向北扩散, 且南部种群遗传多样性更高; 对NS14与QS1杂交获得的538个F₁代杂种进行抗病性检测, 借助分离群体分组分析(bulked segregation analysis, BSA)和全基因组关联研究(genome-wide association study, GWAS)分析, 鉴定出1个G型受体样激酶(RLK)串联基因簇, 该基因簇在2个品种中表达趋势相反, 进一步证实其参与桑树枯萎病(mulberry blight)抗性调控(Wang et al., 2025d)。以135份不同组杨树种质为材料, 筛选3种白杨派杨树抗锈病无性系, 结合选择性清除分析与GWAS解析, 筛选出6个抗性候选基因(Zhang et al., 2025d)。此外, 基于结构变异构建的11个柞属 *Fraxinus* L. 泛基因组显示, 跨膜转运基因存在-缺失的变异(PAVs)可能参与耐盐性调控; 对绒毛柞 *F. velutina* Torr.(耐盐)与美国红柞 *Fraxinus pennsylvanica* Marsh.(盐敏感)种间杂交F₁群体的全基因组重测序, 定位了耐盐数量性状位点(QTLs), 并确定 *FvbHLH85* 和 *FvSWEET5* 为耐盐相关候选基因(Liu et al., 2025d)。

不同品种的生理、生化和组学比较研究也为挖掘林木抗性资源提供了重要思路。以落叶松家系及无性系为试验材料, 通过综合抗病评价筛选高抗落叶松家系及无性系, 将其划分为高抗、中抗、低抗3种类型, 并筛选出5个高抗家系和抗性标志代谢物(赵敏, 2025); 黑杨 *P. nigra* L. 不同品种在抗性和生长表型上存在显著差异, 其代谢物与挥发性化合物中的多数生物标志物可用于区分不同黑杨品种(Deng et al., 2025a); 桉树不同品种耐铝性存在显著差异(尾叶桉 *E. urophylla* S.T.Blake、尾巨桉杂交种 *E. urophylla* S.T.Blake×*E. grandis* W.Hill ex Maiden、巨桉 *E. grandis* W.Hill ex Maiden、细叶桉 *E. tereticornis* Sm.), 该差异与原生境长期选择相关且可遗传(Ouyang et al., 2025); 对浙江省(134份)和安徽省(92份)共226份油茶种质资源进行炭疽病抗性评价及病原菌鉴定, 发现两地种质抗性差异显著, 安徽种质抗性整体更优(含3个近免疫品系、34个高抗品系, 占比36.96%; 杨超臣等, 2025)。这些研究为林木造林树种的抗性优良品种选育提供了基础。

3.2 林木抗侵染性病害机制

代谢通路调控是林木抵御病原菌侵染的重要途径,其中类黄酮代谢通路介导的防御机制在多种林木中均有体现。花椒 *Zanthoxylum bungeanum* Maxim. 抗病品种‘秋椒’通过黄酮类代谢通路关键基因表达上调、总黄酮含量显著增加,抵御花椒鞘锈菌 *Coleosporium zanthoxyli* Dietel & P. Syd. 侵染 (Yang et al., 2025b); VfUGT87H9 通过催化黄酮醇糖苷合成、维持其稳态,正向调控油桐 *Vernicia fordii* (Hemsl.) Airy Shaw 对尖孢镰刀菌油桐专化型 *Fusarium oxysporum* f. sp. *fordii* 的抗病性 (Yang et al., 2025c); 红松在感染松材线虫病后,萜类、苯丙烷类和黄酮类等化合物相关合成基因和蛋白显著上调 (Yu et al., 2025)。这些研究共同揭示了类黄酮代谢介导的林木防御机制。此外,马尾松 *P. massoniana* Lamb. 与黑松对松材线虫的抗性差异,核心源于以 D-葡萄糖酸为关键差异物质的戊糖磷酸途径 (Wen et al., 2025a)。

林木通过抗性基因及协同作用形成防御病原菌的分子机制。在接种胶孢炭疽菌前,抗病树种欧美杨 *Populus × canadensis* Moench 在防御相关通路中核心基因表达水平与关键代谢物积累量均显著高于感病树种 84K 杨,说明抗病树种可能具备先天防御优势;而在接种后,欧美杨的基因表达变化与代谢物积累呈现高度协同性,体现出精准高效的防御调控,而 84K 杨表现出多种代谢谱重构与多通路转录激活,但基因表达与代谢物积累的关联性较弱,其防御响应可能缺乏针对性,导致能量浪费或防御失效 (张林萱等, 2025)。从美洲黑杨 *P. deltoides* W. Bartram ex Marshall 中鉴定出 16 个 *PR1* 基因,发现 *PdePR1_10* 是杨树防御激活核心标记基因,其表达经 SA 依赖通路调控,可能与多个防御基因互作,且过表达该基因使杨树抗锈病能力显著增强 (Wei et al., 2025)。与苹果抗病性相关的 LRR-RLK 蛋白能够与真菌的 sRNA 效应物竞争性结合,随后通过恢复 MdRLKT1 和 MdRLKT2 的表达以激活防御机制,从而释放抗性蛋白 MdRFP1 (Lei et al., 2025)。从核桃中鉴定出 7 个 *PR10/Bet v1* 类防御相关蛋白编码基因,多数 *Bet v1* 基因可被炭疽病显著诱导上调,并且 *JrBet v1* 基因与几丁质酶基因上调表达显著相关 (Wang et al., 2025e),表明核桃可能通过 *Bet v1*-几丁质酶防御机制抵御胶孢炭疽菌入侵。将桉树中 *EuSWAP70* 基因转入拟南芥 *Arabidopsis thaliana* (L.) Heynh. 植株可增加其对灰霉菌 *Botrytis cinerea* Pers. 的抗性 (Huang et al., 2025a)。*PmChia4-1* 与 *PmChia4-4* 编码的蛋白可显著抑制松材线虫卵孵

化率,并提高幼虫死亡率;在拟南芥中,过表达这 2 个基因对松材线虫的基础免疫反应显著增强 (Li et al., 2025e)。另外, α -亚麻酸代谢通路中的 *AOS*、*LCAT3*、*DAD1* 等基因也可能是调控马尾松抗松材线虫病中的关键因子 (Hu et al., 2025)。

转录因子是调控林木抗病性的核心元件。茶树中, CsPR10-9 的表达受到 CsMYB72 的负调控,且二者均参与响应胶孢炭疽菌侵染及水杨酸 (salicylic acid, SA)/茉莉酸甲酯 (jasmonic acid, MeJA) 处理,构成的 CsMYB72-CsPR10-9 模块通过调控 SA/茉莉酸 (methyl jasmonate, JA) 介导的防御反应调控茶树对炭疽病的抗性 (Tao et al., 2025b)。马尾松的 NAC 转录因子可通过参与 SA/JA 介导的免疫通路调控对松材线虫的防御响应 (Zhao et al., 2025e)。杨树作为林木的模式植物,在其抗病转录调控机制的研究更为广泛。转录因子 PopbZIP2 在杨树受病原菌侵染后,先在感病叶片表达,后在未感病叶片表达,作为转录激活因子结合靶基因 *PopGRF3* 和 *PopAPA1* 的启动子,提升原花青素含量从而增强抗病性 (Tan et al., 2025)。但转录因子 PopMYB4 可与 PopbZIP2 互作,降低其启动子结合活性,进而抑制 *PopGRF3* 和 *PopAPA1* 的表达,过表达 PopMYB4 的杨树植株对胶孢炭疽菌更敏感,且体内可溶性与不可溶性原花青素含量显著降低 (Tan et al., 2025)。此外,过表达杨树磷饥饿响应关键转录因子 PtoPHL3 可以增强杨树对溃疡病菌的抗性 (Shi et al., 2025)。PsnWRKY70 转录因子可通过增强杨树叶际微生物网络的稳定性、复杂性及核心类群协作,参与调控香豆素类化合物的生物合成,招募能抑制链格孢菌侵染的有益细菌,从而提升杨树抗病性 (Wang et al., 2025f)。

目前备受关注的表观遗传机制,在介导林木抗逆性上也发挥着核心调控功能。山梨醇可作为信号分子通过调控 R 基因 *NLR16* 表达增强对链格孢菌的抗性;苹果树中, m6A 甲基转移酶复合物成员 MdVIR1 和 MdVIR2 可响应山梨醇与链格孢菌侵染,通过 m6A 修饰稳定 WRKY79 和 *NLR16* 的 mRNA 并提升翻译效率,进一步强化抗病性 (Song et al., 2025b)。茶树中, csn-miR393a 通过抑制 *CsAFB2*, 调控活性氧稳态、病程相关基因表达及儿茶素积累,负向调控对炭疽病的防御反应 (Jeyaraj et al., 2025)。以杂交杨树 NL895 为材料,经 5-氮杂胞苷 (5-Aza) 处理获得表型变异显著的表观突变群体;通过组装 2 套单倍型基因组发现,表观突变体全基因组 DNA 甲基化水平下降,差异甲基化区域 (differentially methylated regions, DMRs) 多样

性高,明确了杂交杨树突变体 DNA 甲基化动态规律 (He et al., 2025c),为定向筛选抗逆种质、培育育种资源提供支撑。

抗性蛋白所发生的泛素化修饰,目前已成为林木抗病分子机制研究中的核心热点之一。例如, E3 泛素连接酶 *PUB21* 是黄龙病感病基因,负调控抗病性;易感品种中 Helitron 转座子插入使 *PUB21* 启动子富集 MYC2 结合元件,形成“*PUB21*-MYC2 负反馈回路”,加速 MYC2 泛素化降解并削弱 JA 介导的防御;人工智能(Artificial Intelligence, AI)筛选的抗蛋白水解肽 APP3-14 可靶向抑制 *PUB21* 泛素化活性并破坏 CLas 细胞膜,温室与田间试验中显著降毒且无反弹,疗效优于传统抗生素 (Zhao et al., 2025f)。

3.3 林木抗非侵染性病害机制

当前围绕林木非侵染性病害抗性增强途径及其潜在分子调控机制的相关研究已取得诸多突破性进展,为该领域的深入研究奠定了坚实基础。干旱作为非侵染性病害的典型诱因,长期以来都是植物逆境生理与分子生物学领域的研究热点。干旱显著降低青海云杉 *Picea crassifolia* Kom. 根系总有机碳分泌速率,但不影响氮分泌速率,同时促使根系形态向竞争型策略转变;根系分泌速率与竞争型根系性状呈负相关,与保守型性状呈正相关,表明干旱条件下根系优先保障碳储存和形态适应,而非分泌活动,该结果为理解树木干旱适应机制提供了重要依据 (Li et al., 2025f)。林木形成了以不同类型调控基因为核心的多层次抗旱分子机制。其中,白桦 *Betula platyphylla* Sukaczew 的转录因子 BpWRKY53 可激活黄酮合成关键基因 *BpCHS3* 与 *BpCHS5* 的表达以提高黄酮类化合物含量,且 BpMAPK3 介导的 BpWRKY53 第 201 位丝氨酸磷酸化能增强其调控能力,进一步提升白桦耐旱性 (Dong et al., 2025);干旱会抑制 miR169z 的表达,使其靶基因 *PagNF-YA5* 表达量上升,进而激活 *PagGPDHc1*,通过提高细胞内氧化型烟酰胺腺嘌呤二核苷酸 (nicotinamide adenine dinucleotide, NAD⁺) 水平抑制活性氧 (Reactive oxygen species, ROS) 产生,增强杨树的抗旱能力 (Li et al., 2025g);胡杨 *P. euphratica* Oliv. 的半胱氨酸富集型小肽编码基因 *PeGAS15* 也在林木干旱胁迫响应中发挥关键作用 (Huang et al., 2025b)。

在盐胁迫响应中,林木形成了精准的剪接与泛素化调控通路。毛白杨 *P. tomentosa* Carrière *bZIP49* 基因的剪接变体 *bZIP49S* 会降低植株耐盐性;剪接因子 SC35 可特异性识别 *bZIP49* 前体 mRNA 的“GGAATTAG”基序,介导 403 bp 片段剪切以促进 *bZIP49S* 产生;而

盐胁迫下的 E2 泛素结合酶 UBC32 能通过泛素化途径降解 SC35,减少 *bZIP49S* 积累。进一步研究表明,*bZIP49S* 通过抑制钾离子转运蛋白基因 *AKT1* 表达破坏 Na⁺/K⁺ 平衡,而 UBC32 介导的 SC35 降解可解除该抑制作用,恢复离子平衡并增强耐盐性,构成毛白杨响应盐胁迫的核心调控模块 (Liu et al., 2025e)。

3.4 诱导抗性

不同浓度的 MeJA 处理红松幼苗,对松材线虫感染的相对耐受指数和相对抗线虫指数表现出差异,其中 5 mmol/L MeJA 溶液诱导的耐受效果最佳;JA 积累差异可能引发泛素介导的蛋白降解途径以及反式咖啡酸与反式肉桂酸相关基因的表达变化,进而导致这两类代谢物丰度差异及多种木质素与葡萄糖苷的形成 (Chen et al., 2025a)。外源施用 MeJA 通过提高寄主过氧化物酶和超氧化物歧化酶活性,同时限制丙二醛含量,增强“龙井 43”的抗性,从而显著减少由胶孢炭疽菌 *C. gloeosporioides* 侵染所引起的病斑面积 (Peng et al., 2025a)。通过探究常规植物免疫诱导剂苯并噻二唑 (1,2,3-benzothiadiazole, BTH) 与水杨酸甲酯 (methyl salicylate, MeSA) 对红松抗松材线虫能力的影响,发现 BTH 可诱导红松产生抗性,诱导效果也存在浓度依赖性,0.5 mmol/L 的 BTH 溶液诱导效果最佳,且喷施处理的效果显著 (Zhang et al., 2025e)。经 BTH 处理后接种松材线虫的红松植株中,类黄酮生物合成通路基因被显著激活,相关的代谢物丰度明显上升;与之相反,MeSA 未能诱导红松产生抗线虫性 (Zhang et al., 2025e)。

落叶松八齿小蠹 *Ips subelongatus* Motschulsky 伴生生长喙壳真菌优势种 *Ophiostoma pseudobicolor* Zheng Wang & Q. Lyu 与先锋种 *Endoconidiophora fujiensis* (M.J. Wingf., Yamaoka & M. Marin) Z.W. de Beer, T.A. Duong & M.J. Wingf. 的致病性存在显著差异,*E. fujiensis* 在日本落叶松 *L. kaempferi* (Lamb.) Carrière 和长白落叶松 *L. olgensis* A. Henry 上产生的坏死斑和诱导的寄主单萜总含量,均显著大于 *O. pseudobicolor* 处理。经弱毒真菌 *O. pseudobicolor* 预处理能够诱导日本落叶松和长白落叶松对强毒真菌 *E. fujiensis* 产生抗性 (王慧敏等, 2025b)。从 *C. chrysosperma* 中筛选鉴定出效应子 CcHE1,发现向本氏烟草和杨树叶片注射 5 μmol/L CcHE1,能触发强烈防御反应,包括活性氧积累、胼胝质沉积及防御相关基因上调表达,且该防御反应依赖 *NbBAK1* 和 *NbSOBIR1* 基因,可增强植物对胶孢炭疽菌、金黄壳囊孢等多种病原真菌的抗性 (Liu et al., 2025f)。这些研究表明,MeJA、BTH、效应子和弱毒菌株处理均可

以提升树木的抗性,为病害防控提供了新的思路。

4 林木病害综合防控体系支撑技术研究进展

依托涵盖病原快速检测、智能监测、绿色防控

技术及营林技术的林木病害综合防控体系支撑技术(图2),可从多维度系统性强化森林抗病防御能力,为森林资源可持续经营提供坚实的科技支撑。

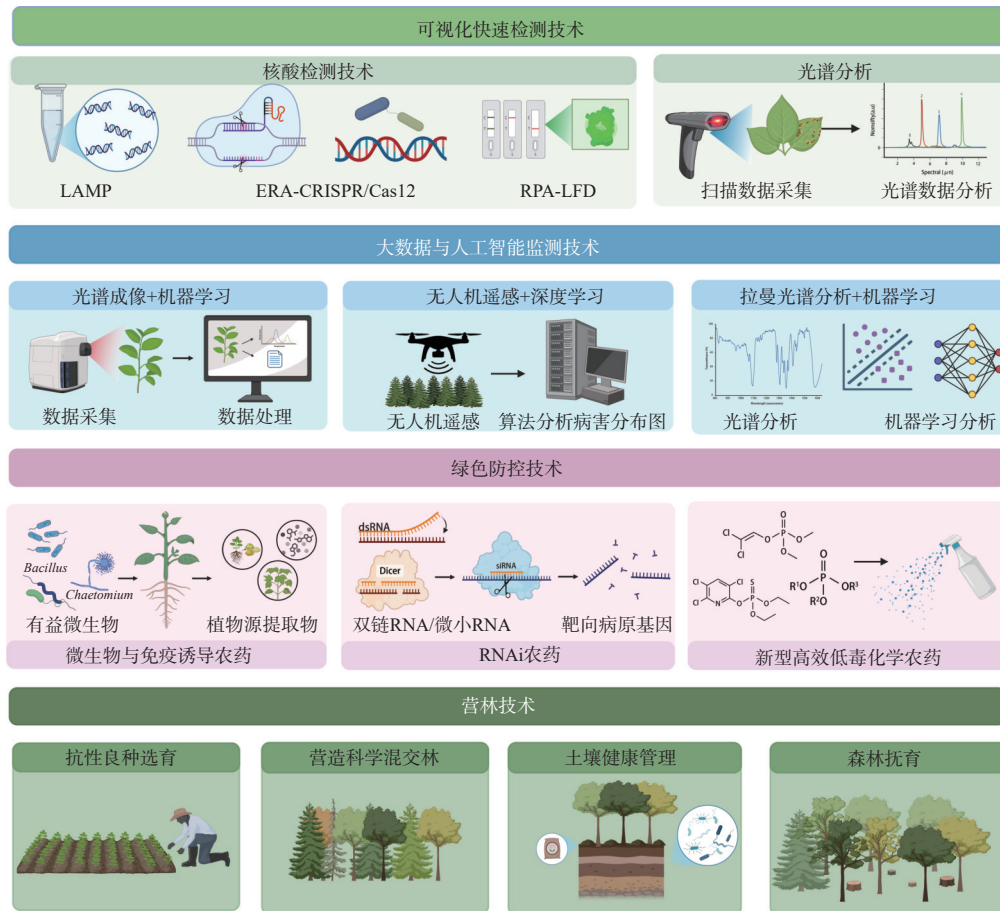


图2 林木病害综合防控体系支撑技术

Fig. 2 Supporting technologies for the integrated disease management system of forest trees

4.1 可视化快速检测技术

近年来,以DNA为靶标的林业有害生物检测技术取得了长足发展,迅速经历了从聚合酶链式反应(polymerase chain reaction, PCR)、等温扩增技术(如重组酶聚合酶扩增技术 Recombinase polymerase amplification, RPA; 环介导等温扩增技术 Loop-Mediated isothermal amplification, LAMP)到成簇规律间隔短回文重复序列/相关蛋白系统 [clustered regularly interspaced short palindromic repeats (CRISPR)/ Cas system] 的3代发展,为广泛应用于森林病害早期检测提供技术保障(Wu et al., 2025a)。

基于微滴式数字PCR技术(Droplet Digital PCR, ddPCR)和RPA原理,建立并优化松材线虫ddPCR和RPA-LFA的特异检测技术,适用于低浓度精准测定(Wu et al., 2025b)。以松材线虫的ITS序列为靶标,设计RPA引物和RPA-LFD检测探针,可以从松材线

虫及4种近似种中特异性检出松材线虫(焦莉苹等, 2025),可应用于海关口岸松材线虫的快速初筛检测。根据落叶松新壳梭孢菌的特异性基因 *Nlar12009*, 设计特异引物和DNA探针,建立并优化RPA-LFD检测方法;该方法对落叶松新壳梭孢菌检测特异性极强,与其他病原菌无交叉反应,检测灵敏度达10 fg/mL,较常规PCR高10倍(Ju et al., 2025)。利用白蜡枯梢病菌 [*Hymenoscyphus fraxineus* (T. Kowalski) Baral, Queloz & Hosoya] 基因组数据开发了1种灵敏的LAMP检测方法,灵敏度达2.53 fg/ μ L,且能有效实现该病原菌的早期检测(Zhou et al., 2025a)。该方法可以开发基因型特异性探针,为识别独特基因或基因组区域提供可能。一种基于酶促重组扩增(enzymatic recombinase amplification, ERA)结合CRISPR/Cas12a技术的诊断方法可用于检测青枯雷尔氏菌 *Ralstonia pseudosolanacearum* Safni引发的桉树青枯病,与其他

常见致病菌无交叉反应, 荧光和侧向流试纸条 (lateral flow strip, LFS) 检测系统的检出限均低至 100 拷贝/ μL , 且可通过荧光信号、蓝光下显色或 LFS 实现结果可视化, 全程检测耗时不足 1 h (Peng et al., 2025b), 为桉树青枯病的快速精准检测及病害管理提供了有效工具。基于栗疫病菌特异性转录因子 CpSge1 的 C 端可变区, 建立了快速、高灵敏、可视化的栗疫病菌检测系统, 该系统可在 37 $^{\circ}\text{C}$ 恒温条件下运行 (Wu et al., 2025c), 为田间栗疫病的诊断提供了重要技术支撑。

随着对病害侵染规律及致病机制认知的逐步深化, 一些新型可视化检测技术相继涌现。例如, 发现在松材线虫感染早期, 松树总糖、还原糖和水分含量显著下降。利用高光谱数据结合实测生理参数, 确定 ASD FieldSpec 4 光谱仪 455~677 nm 和 1 974~2 340 nm 为最优诊断光谱窗口, 并且区分健康与早期染病植株的准确率达 91% (Zhang et al., 2025f)。通过对马尾松接种 3 种不同毒力的松材线虫和拟松材线虫, 发现比较代谢组中筛选出的 7-脱氢胆固醇, 是马尾松被松材线虫早期侵染后的 1 种特异性代谢物, 可以将松材线虫侵染与其他不同种线虫侵染的马尾松区分开 (郑哲等, 2025)。

4.2 大数据与人工智能驱动的检测技术

针对松材线虫病遥感监测中早期侵染与零星发病区域识别的难题, 已有研究系统梳理了不同遥感平台与算法的优缺点, 发现多模态和多平台协作观测或有助于减轻背景干扰, 进而提出将遥感时空、光谱分析与 AI 相结合, 并开发由数据和生物机制驱动的模式, 为病害监测技术的优化提供了有前景的解决方案 (Wang et al., 2025g)。通过构建茶树病虫害数据集, 将 SimAM 注意力机制融入 MnasNet 网络, 其在该数据集上的识别准确率达 98.03% (Wen et al., 2025b)。另外, 苹果腐烂病菌 (apple valsa canker, AVC) 会破坏寄主韧皮部组织、分解木质纤维素, 早期症状无法从树皮外观识别, 且致病菌具有无症状潜伏特性; 基于太赫兹光谱成像 (terahertz spectral imaging, ThzSI) 特征建立了机器学习模型, 在病害感染早期阶段可实现对 AVC 的检测; 同时结合空间光谱信息, 通过伪色成像、直方图均衡和天津分割技术实现苹果树皮早期感染区域的可视化 (Zhou et al., 2025b)。

基于无人机遥感影像与深度学习框架, 松材线虫病监测研究取得了多项突破: PWD-YOLO-D 模型较原始 YOLOv8, AP@0.5 提升 4.0 个百分点、AP@0.5:0.95 提升 7.3 个百分点 (Chen et al., 2025b); 改进的 YOLOv8n-RCD、YOLOv11 算法应用于疫区疫木检测, 平均精度

高达 97.7%, 且在未训练区域仍能精准识别 (王余康等, 2025; 陈筱涵等, 2025); 基于福建省福州市闽侯县疫区无人机航拍与半监督辅助标注构建的数据集, DSI-YOLOv9 精度达 96.4%, 结合 BoT-SORT 跟踪算法开发的检测系统可实现疫木检测、跟踪计数等功能 (李佳儒, 2025); 改进的 DSEN-YOLOv7 算法则针对性提升了疫木小目标检测性能与精度 (陈冰雨等, 2025)。这些算法是松材线虫病自动化、动态化监测的核心技术支撑。

针对葡萄座腔菌 *Botryosphaeria dothidea* (Moug.) Ces. & De Not. 引发的采后果实病害, 建立了一套拉曼光谱 (Surface-enhanced raman spectroscopy, SERS) 结合机器学习的多病原菌快速定量平台, 可精准检测葡萄座腔菌, 还能捕获丁香假单胞菌猕猴桃致病变种 *P. syringae* pv. *actinidiae*、铜绿假单胞菌 *P. aeruginosa* (Schroeter) Migula、青枯雷尔氏菌和远东假单胞菌 *P. extremorientalis* Ivanova 的 SERS 指纹图谱并实现定量分析 (Luo et al., 2025b)。通过对病原菌 SERS 光谱数据进行主成分分析可有效区分包括葡萄座腔菌在内的 5 种病原菌, 准确率均达 100% (Luo et al., 2025b)。

4.3 绿色防控技术

随着对林木病害相关微生物群落复杂结构和功能的揭示, 以及微生物组学的迅速发展, 越来越多的拮抗微生物资源被发现 (Zhang et al., 2025g), 同时人工构建合成菌群 (SynComs) 被证实在多年生林木中也表现出抗逆、促生的双重功效, 为优化林木病害的生物防治策略提供了基础。从胡杨高盐根际土壤中分离筛选出 9 株兼具耐盐和促生能力的菌株, 通过人工合成菌群的构建, 表现出减轻氧化应激、调节渗透物质、平衡离子的植株耐盐性增强功能, 还能招募特定根系相关细菌群落, 进一步提升杨树对高盐环境的适应性 (Li et al., 2025h)。此外, 筛选构建的高效抑制性复合木腐菌体系, 也证实了真菌复配策略在松材线虫生物防治中的显著效能 (原燕枝等, 2025)。

绿色农药是当前林业高质量发展的战略抓手。芽孢杆菌作为应用最广泛的微生物农药药剂, 在林木病害防控领域展现出突出效用。例如, 贝莱斯芽孢杆菌 *Bacillus velezensis* Ruiz-García 菌株 FZB42 可上调樱花 *Prunus × yedoensis* Matsum. 幼苗中茉莉酸、乙烯及水杨酸通路相关基因的表达 (Qin et al., 2025); 从皂荚 *Gleditsia sinensis* Lam. 中分离得到的贝莱斯芽孢杆菌菌株 GsB01 能产生多种抗菌化合物, 对皂荚枯萎病致病菌南方美盾壳孢 *Thyronectria austroamericana* (Speg.)

Seeler表现出显著抗真菌活性(Zeng et al., 2025);从落叶松中筛选获得的苏云金芽孢杆菌 *B. thuringiensis* Berliner 菌株 SD30 则具有极强的杀线虫活性,且对烟草 *Nicotiana tabacum* L.、苜蓿 *Medicago sativa* L. 无致病性(Han et al., 2025)。从健康板栗 *Castanea mollissima* Blume 的根际土壤中分离出1株芽孢杆菌 *B. amyloliquefaciens* D39 菌株,施用该菌株可显著降低板栗疫病的发病程度(Deng et al., 2025b)。另外,研究表明吴茱萸 *Tetradium ruticarpum* (A.Juss.) T.G. Hartley 苦素(Rutaevin)能够抑制落叶松枯梢病致病菌 *N. laricinum* 生长,抗真菌活性呈剂量依赖性,0.5 mg/mL 浓度可100%抑菌;跨物种筛选出茱萸果实中苦素含量最高,粗提物田间防效显著(Zhang et al., 2025h)。

RNAi 农药因靶标专一、绿色无残留优势成为热点。常用药剂苯醚甲维盐(Emamectin Benzoate, EB)难以彻底根除线虫,低浓度EB处理激活松材线虫解毒基因 *Bx-SDR3* 的响应启动;RNAi 沉默该基因后,线虫解毒能力下降,EB 毒杀效果可提升20.9%(Zhuang et al., 2025)。靶向松材线虫 V-ATPase 家族8个V1亚基的 dsRNA 可显著抑制其存活、运动等能力,其中 dsV-ATPase-H 效果最优,且会破坏线虫超微结构(Zhao et al., 2025g),为松材线虫的 RNAi 农药研发提供了候选基因。纳米载体的兴起,有效推动了农药增效和 RNAi 效率提升(乔恒等, 2025)。针对苹果早期落叶病,研究靶向抗病基因 *MdTIR-1* 的病原诱导小 RNA tsRVal,设计人工 miRNA si-tsRVal 并负载于四氧化三铁磁性纳米颗粒,构建 MNP-si-tsRVal 复合物,叶面喷施可高效递送质粒至叶肉细胞。盆栽与田间试验证实,该复合物能维持植株健康长势,显著增强抗病性(Zhang et al., 2025i),为合成生物学驱动的 RNAi 农药研发提供纳米生物技术方

案。生物源、人工合成化合物及衍生物为新型高效低毒化学农药研发提供了依据。在枯梢病致病菌侵染后,长白落叶松会积累秦皮素(Fraxetin)。研究发现,该物质抗病最优浓度为1088 $\mu\text{g/mL}$,对病原菌抑制率达66.67%,其通过破坏病原菌膜完整性发挥作用(Zhang et al., 2025j)。香豆素类天然产物紫花前胡素(Decursin)兼具免疫激发子功能与抗病原作用,可触发植物早期免疫响应,分子对接预测可与 LysM-RLK 家族 CERK1、LYK5 结合,且体内外实验均证实能显著抑制多种植物病原真菌生长(Ma et al., 2025b)。此外,纯化的杆菌溶素和表面活性素首次被证实可体外抑制根癌农杆菌生长(Qin et al., 2025)。内生真菌球壳菌 *Chaetomium globosum* Kunze 菌株 MG2 产

生的活性化合物球壳素 D 可通过损伤病原菌细胞壁和细胞膜,抑制菌丝生长和分生孢子萌发,室内防治效果与商品杀菌剂相当,且对多种病原真菌具有广谱抑制作用(He et al., 2025d)。合成的含咪唑并[2,1-b]杂环的新型吡啉衍生物对多种植物病原菌表现出显著抗真菌活性,其中 DL-21、DL-27 分别对金黄壳囊孢、松球壳孢菌 *Sphaeropsis sapinea* (Fr.) Dyko & B. Sutton 效果突出,该类化合物可通过破坏病原菌菌丝和细胞膜、影响内源活性氧生成发挥作用(Wu et al., 2025d)。 α 、 α -二卤代苯乙酮衍生物中的化合物 Ii 可低浓度高效抑制 *C. gloeosporioides* 生长、降低致病力(Yang et al., 2025d)。Psa 群体中不存在链丝菌素(streptothricin, STs)天然抗性菌株,且 STs 抗性突变体对其他药剂无明显交叉抗性,表明 STs 可作为持续防控猕猴桃溃疡病的药剂(Wang et al., 2025h);5-氟吡啉(5-Fluoroindole)对 Psa 具有显著杀菌活性,可通过破坏其细胞膜、诱导活性氧积累和凋亡发挥作用(Zhang et al., 2025k);色胺酮(tryptanthrin)新型衍生物 T7NO-4、T7NH-2 可影响细菌生物膜的形成,改变细胞膜通透性,并导致细菌坏死,其中化合物 T7NO-4 对 Psa 具有良好的防控活性,其保护效价和治疗效价分别达到75.61%和66.84%(Zhu et al., 2025)。这些研究为研发防控 Psa 病害的药剂提供了重要参考。

4.4 营林技术

以生态调控为核心理念的营林技术防控措施,因其能从根本上增强森林自身抵抗力,正日益受到学术界与实践领域的高度关注。这类技术通过系统性、前瞻性的森林经营措施,从源头上抑制有害生物的发生与扩散,兼具生态效益与资源可持续利用价值。

科学的林分结构可避免单一树种大面积连片种植,通过提升生物多样性,构建不利于病虫害传播的生态环境,从而降低病虫害集中暴发风险。通过封山育林、幼林抚育与修枝抚育等营林措施,进一步改善林木生长环境。在抗性品种选育中,基于抗性基因的分子辅助育种是一直备受关注的领域。利用 CRISPR/Cas9 基因编辑技术可有效解决林木育种周期长等问题,有利于快速改良品种特性,尤其是提高病害抗性。例如,对杨树“北林雄株2号”的 *WRKY33a/b* 基因进行靶向编辑,获得了3种编辑类型的双基因突变体 *Wka*、*Wkb* 和 *Wkf*(于晓倩等, 2025);*Wkf* 株系在提升抗病性的同时维持了正常的生长速率,这凸显了 CRISPR 靶向编辑的优势,避免了过度激活防御反应导致的生长抑制,同时为速生抗病林木新品种的分子设计提供技术策略。此外,构建了基于愈伤组织

的松树抗松材线虫评估体系,并筛选出2个具有较高抗性水平的马尾松细胞系GX19-1-2和GX20-3-3(陈友梅等, 2025)。这不仅为大规模筛选抗松材线虫病新种质奠定了基础,还为深入探究寄主松树-病原松材线虫之间相互作用的机制提供新的研究平台。总之,以生态调控理念为核心的营林技术体系,通过源头优化、过程培育、疫木资源化等多维度措施的综合运用,能有效应对林业病原微生物威胁。

5 展望

联合国粮食与农业组织(2025)全球森林资源评估报告显示,2025年占全球森林面积38%的47个国家和地区,森林病害发生面积达613万 hm^2 ,占这些区域森林总面积的0.4%,其中亚洲以296万 hm^2 居首位,略高于该区域报告森林总面积的1%。当前,中国森林生态系统面临的病害挑战日益复杂,人工林结构单一化,叠加跨境贸易、气候变化等因素,导致外来病原入侵扩散、次要病原升级、病虫复合侵染加剧等,历史性病害不断周期性暴发、区域性成灾。

自然生态系统中非侵染性病害与虫害、侵染性病害常形成复杂互作网络,气候变化、极端天气及人类活动是主要触发因子。环境胁迫既直接削弱树木抗性,又通过改变寄主生理状态间接增加侵害风险,形成“胁迫-致病-衰弱”的恶性循环。2002—2003年,美国西南部干旱引发大规模科罗拉多果松 *Pinus edulis* Engelm. 死亡的案例印证了这一点。干旱导致枝干水势下降、树脂导管内压不足,抗虫物质无法有效抵达侵染部位,科罗拉多松小蠹 *Ips confusus* (LeConte) 共生真菌加速木质部栓塞,显著提升死亡率(Malone et al., 2025)。林木病理学作为守护森林生态安全的核心学科,其病害防控技术研发成果必将为破解防控瓶颈、维系森林生态系统稳定提供关键支撑。

林业病害防控的核心思路在于“预防为主”,这与森林保护学科的特殊性密切相关。相较于农作物,林木生命周期长达数年至千年,需重点关注生命周期健康(吕全等, 2025)。除明确病原菌致害机理、筛选防控靶标、研发阻断暴发技术外,更需强化森林健康韧性、林木抗性形成及安全阈值的研究。进化遗传学与生态免疫学的融合为解析林木抗性机制提供关键视角。免疫系统作为遗传与表型多样性的活跃区域,是自然种群适应度的重要决定因素,两者融合不仅能识别适应性演化足迹,还可解析背后的选择压力与约束条件(Downie and Tung, 2025),进而阐明个体、种群或物种对病原微生物的易感性差异,兼

具基础科学与应用价值。相关研究也证实,适应性演化是基因间互作与环境压力共同驱动的动态过程。在野外自然白蜡树野生群体中,基于全基因组数据分析发现,树木可通过单代内成千上万微小效应位点的频率波动实现快速多基因适应,这也是新兴真菌侵染流行病(Emerging infectious disease, EID)背景下,首次揭示快速多基因适应性进化机制(Metheringham et al., 2025)。该机制反映复杂性状的多基因累加效应,突破单一基因突变的认知局限,为多基因适应的野外实证提供范例,进一步拓展了森林病害管理的理论与实践边界。

目前,中国已构建以生态调控和综合治理为核心的森林病害防控框架,在病原快速检测、抗病资源挖掘、防控技术等方面取得进展,但仍存在被动防控为主、不同林分类型适配性不足、微生物制剂林间效果不稳定等短板。对此,前沿技术融合与多学科创新为林木病理学发展注入革命性力量,也为解决生态调控核心问题、发掘新型防控技术提供了机遇(理永震, 2025)。其中,合成生物学与多组学、基因编辑、人工智能、纳米技术、感知技术等兴起,奠定了林木病理学新时期的发展基础。高通量高精度有害微生物监测、遗传防控、精准给药等现代信息、生物和材料新技术的融合应用(陈筱涵等, 2025; 陈新等, 2025; Gurusamy et al., 2025; Sangwan et al., 2025),可能是实现林业病原微生物早期监测与精准防控的重要措施。同时,需搭建一套适用于森林病理学的模式系统框架(Oostlander et al., 2025),并结合不同林分结构特征与病害发生演替规律细化防控策略,推动防控从被动应对转向主动防御、从单点治理升级为生态系统整体调控;通过产学研协同与国际合作,构建“监测预警-风险评估-精准干预-生态修复”全链系技术体系。总体看,林木病理学应强化多学科融合与技术创新,为保障森林资源安全、维系生态系统稳定提供核心科技支撑。

参 考 文 献

- 陈冰雨, 黄雷君, 冯海林. 2025. 基于改进YOLOv7的松材线虫病疫木检测[J]. 林业工程学报, 10(5): 168-177.
- Chen B Y, Huang L J, Feng H L. 2025. Detection of pine wilt disease-infected trees based on an improved YOLOv7 model[J]. Journal of Forestry Engineering, 10(5): 168-177. (in Chinese)
- 陈汝婷, 迟德富. 2025. 病虫害干扰对森林碳汇影响的研究进展[J]. 林业科学, 61(2): 1-11.
- Chen R T, Chi D F. 2025. Effects of pest and disease disturbance on forest carbon sink: A review[J]. Scientia Silvae Sinicae, 61(2): 1-11. (in

- Chinese)
- 陈婷婷, 程浩, 叶建仁, 等. 2025. 松材线虫移动状况与早期诊断及治疗效果[J]. *林业科学*, 61(7): 241–250.
- Chen T T, Cheng H, Ye J R, *et al.* 2025. Dynamics of *Bursaphelenchus xylophilus* movement with early diagnosis and treatment efficacy[J]. *Scientia Silvae Sinicae*, 61(7): 241–250. (in Chinese)
- 陈筱涵, 陈广生, 周均瑞, 等. 2025. 基于无人机影像和改进YOLOv11算法的松材线虫病变色疫木检测[J/OL]. *中国森林病虫*: 1–11. <https://doi.org/10.19688/j.cnki.issn1671-0886.20250044>.
- Chen X H, Chen G S, Zhou J R, *et al.* 2025. Detection of discolored trees infected by pine wilt disease based on improved YOLOv11 algorithm and UAV imagery[J/OL]. *Forest Pest and Disease*: 1–11. <https://doi.org/10.19688/j.cnki.issn1671-0886.20250044>. (in Chinese)
- 陈新, 徐林, 孙陶然, 等. 2025. 基于YOLOv5l的改进模型在松材线虫病受害木识别中的应用[J]. *林业科技通讯*(9): 45–55.
- Chen X, Xu L, Sun T R, *et al.* 2025. Application of an improved model based on YOLOv5l in the identification of pine wilt disease-infested wood[J]. *Forest Science and Technology*, (9): 45–55. (in Chinese)
- 陈友梅, 夏馨蕊, 叶建仁, 等. 2025. 马尾松胚性愈伤组织对松材线虫的抗性评价[J]. *南京林业大学学报(自然科学版)*, 49(1): 37–45.
- Chen Y M, Xia X R, Ye J R, *et al.* 2025. An *in vitro* evaluation of the resistance traits to pine wood nematode(*Bursaphelenchus xylophilus*) in *Pinus massoniana* embryogenic callus[J]. *Journal of Nanjing Forestry University (Natural Sciences Edition)*, 49(1): 37–45. (in Chinese)
- 焦莉苹, 冯自洋, 俞禄珍, 等. 2025. 木质包装中松材线虫的可视化快速检测技术研究[J]. *植物检疫*, 39(4): 39–44.
- Jiao L P, Feng Z Y, Yu L Z, *et al.* 2025. Development of a rapid visual detection method for *Bursaphelenchus xylophilus* in wooden packaging materials[J]. *Plant Quarantine*, 39(4): 39–44. (in Chinese)
- 雷美, 刘瑞峰, 李河. 2025. 油茶果生刺盘孢组蛋白甲基转移酶CfSet9生物学功能[J]. *菌物学报*, 44(10): 90–101.
- Lei M, Liu R F, Li H. 2025. Functional characterization of histone methyltransferase Set9 in *Colletotrichum fructicola*, the causal agent of *Camellia oleifera* anthracnose[J]. *Mycosystema*, 44(10): 90–101. (in Chinese)
- 李德斌, 王伟韬, 李志鹏, 等. 2025. 松材线虫对红松、油松和日本落叶松苗木的致病性初探[J]. *中国森林病虫*, 44(5): 23–28.
- Li D B, Wang W T, Li Z P, *et al.* 2025. Pathogenicity of *Bursaphelenchus xylophilus* to *Pinus koraiensis*, *Pinus tabulaeformis* and *Larix kaempferi* seedlings[J]. *Forest Pest and Disease*, 44(5): 23–28. (in Chinese)
- 李佳儒. 2025. 基于深度学习的不同染病阶段松材线虫病疫木检测与应用[D]. 福州: 福建农林大学.
- Li J R. 2025. Detection and application of pine wood nematode diseased trees at different infection stages based on deep learning[D]. Fuzhou: Fujian Agriculture and Forestry University. (in Chinese)
- 李莉, 余婧, 王仁刚, 等. 2025. 拟松材线虫类毒液过敏原蛋白基因Bm-vap-1的克隆与分析[J]. *福建农林大学学报(自然科学版)*, 54(5): 599–608.
- Li L, Yu J, Wang R G, *et al.* 2025. Cloning and analysis of venom allergen-like protein gene Bm-vap-1 from *Bursaphelenchus mucronatus*[J]. *Journal of Fujian Agriculture and Forestry University (Natural Science Edition)*, 54(5): 599–608. (in Chinese)
- 理永霞, 温晓健, 王璇, 等. 2025. 松材线虫病防控技术研究进展及防控对策建议[J]. *中国森林病虫*, 44(6): 1–7.
- Li Y X, Wen X J, Wang X, *et al.* 2025. Research progress on the control technologies and suggestions for control of pine wilt disease[J]. *Forest Pest and Disease*, 44(6): 1–7. (in Chinese)
- 理永霞. 2025. 我国松材线虫病未来5–10年研究发展—香山共识[J]. *树木医学*, 2(1): 97–98.
- Li Y X. 2025. Xiangshan Consensus on research and development of *Bursaphelenchus xylophilus* in China in the next 5–10 years[J]. *Tree Health*, 2(1): 97–98. (in Chinese)
- 联合国粮食与农业组织. 2025. 《2025年全球森林资源评估》[R]. 罗马: 粮农组织.
- Food and Agriculture Organization of the United Nations. 2025. *Global Forest Resources Assessment 2025*[R]. Rome: FAO. (in Chinese)
- 吕全, 骆有庆, 南小宁. 2025. 中国林业有害生物防控策略与实践[J]. *植物保护*, 51(5): 475–489.
- Lyu Q, Luo Y Q, Nan X N. 2025. Strategies and practices for forestry pest management in China[J]. *Plant Protection*, 51(5): 475–489. (in Chinese)
- 乔恒, 陈静怡, 蒋沁宏, 等. 2025. 纳米农药和RNA农药的研究进展及发展趋势[J]. *生物工程学报*, 41(10): 3774–3789.
- Qiao H, Chen J Y, Jiang Q H, *et al.* 2025. Research progress and development trend of nanopesticides and RNA pesticides[J]. *Chinese Journal of Biotechnology*, 41(10): 3774–3789. (in Chinese)
- 田呈明, 曹文敏, 梁英梅, 等. 2025. 菌物分类学 [M]. 北京: 中国林业出版社.
- Tian C M, Cao Z M, Liang Y M, *et al.* 2025. *Taxonomy of Fungi*[M]. Beijing: China Forestry Publishing House. (in Chinese)
- 王建国, 王建军, 姜旭, 等. 2025. 红松感染松材线虫后的生理指标变化[J]. *东北林业大学学报*, 53(11): 134–140.
- Wang J G, Wang J J, Jiang X, *et al.* 2025. Physiological index changes in *Pinus koraiensis* infected with *Bursaphelenchus xylophilus*[J]. *Journal of Northeast Forestry University*, 53(11): 134–140. (in Chinese)
- 王俊伟, 胡龙娇, 吴小芹. 2025. 不同抗性松树家系中松材线虫致病力和繁殖力比较[J]. *南京林业大学学报(自然科学版)*, 49(1): 21–27.
- Wang J W, Hu L J, Wu X Q. 2025. Comparison of pathogenicity and reproduction of *Bursaphelenchus xylophilus* in pine families with different disease resistance[J]. *Journal of Nanjing Forestry University (Natural Sciences Edition)*, 49(1): 21–27. (in Chinese)
- 王慧敏, 刘端冲, 李晓菲, 等. 2025a. 弱毒真菌拟双色长喙壳诱导落叶松对强毒富士长喙壳抗性增强[J]. *中国森林病虫*, 44(3): 1–8.
- Wang H M, Liu D C, Li X F, *et al.* 2025a. Fungi with hypovirulence of *Ophiostoma pseudobicolor* induce resistance enhancement in *Larix* to hypervirulence of *Endoconidiophora fujiensis*[J]. *Forest Pest and Disease*, 44(3): 1–8. (in Chinese)
- 王慧敏, 王正, 龔桂铭, 等. 2025b. 小蠹虫伴生真菌功能特征及病虫复合危害防控展望[J]. *树木医学*, 2(1): 7–20.
- Wang H M, Wang Z, Dou G M, *et al.* 2025b. Functional features of the associated fungi of bark beetles and the prospect of management of the synergistic infection of insect pests and pathogens[J]. *Tree Health*, 2(1): 7–20. (in Chinese)
- 王慧欣, 高亚兰, 李河. 2025. 油茶果生刺盘孢组蛋白甲基转移酶CfSet2的功能[J]. *微生物学通报*, 52(11): 5069–5083.

- Wang H X, Gao Y L, Li H. 2025. Functions of the histone methyltransferase CfSet2 in *Colletotrichum fructicola*, the causal organism of *Camellia oleifera* anthracnose[J]. *Microbiology China*, 52(11): 5069–5083. (in Chinese)
- 王硕. 2025. 新疆部分地区林木壳囊孢属真菌的种类研究[D]. 乌鲁木齐: 新疆农业大学.
- Wang S. 2025. Study on the species of *Cytospora* in forest trees in some regions of Xinjiang[D]. Urumqi: Xinjiang Agricultural University. (in Chinese)
- 王余康, 黄雷君, 李洋. 2025. 基于改进YOLOv8n的松材线虫病疫木检测方法[J]. *林草资源研究*(1): 114–125.
- Wang Y K, Huang L J, Li Y. 2025. A detection method for pine wood nematode-infected trees using an improved YOLOv8n model[J]. *Forest and Grassland Resources Research*(1): 114–125. (in Chinese)
- 闫佳钰, 孙红, 王越, 等. 2025. 2024年全国主要林业有害生物发生情况及2025年趋势预测[J]. *中国森林病虫*, 44(2): 52–56.
- Yan J Y, Sun H, Wang Y, et al. 2025. Occurrence of major forestry pests in China in 2024 and trend forecast in 2025[J]. *Forest Pest and Disease*, 44(2): 52–56. (in Chinese)
- 杨超臣, 张运斌, 洪友君, 等. 2025. 油茶种质资源炭疽病抗性评价及菌种致病力测定[J]. *植物保护*, 51(6): 317–324.
- Yang C C, Zhang Y B, Hong Y J, et al. 2025. Evaluation of anthracnose resistance in *Camellia oleifera* germplasm resources and determination of pathogenicity of *Colletotrichum* species[J]. *Plant Protection*, 51(6): 317–324. (in Chinese)
- 于晓倩, 牛浩强, 马茹暄, 等. 2025. 杨树抗炭疽病育种的CRISPR/Cas9技术应用研究[J]. *树木医学*, 2(2): 61–68.
- Yu X Q, Niu H Q, Ma R X, et al. 2025. Application of CRISPR/Cas9 technology in breeding anthracnose-resistant *Populus*[J]. *Tree Health*, 2(2): 61–68. (in Chinese)
- 袁超峰, 王文志, 吴喆虹, 等. 2025. 健康与衰退樟子松和杨树径向生长响应气候及其生态弹性差异[J]. *应用生态学报*, 36(2): 411–417.
- Yuan C F, Wang W Z, Wu Z H, et al. 2025. Differences in radial growth responses to climate and ecological resilience between healthy and declining *Pinus sylvestris* var. *mongolica* and *Populus* L[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 36(2): 411–417. (in Chinese)
- 原燕枝, 余璐, 胡坚, 等. 2025. 高效抑制松材线虫的复合木腐菌筛选[J]. *林业科学*, 61(11): 116–124.
- Yuan Y Z, Yu L, Hu J, et al. 2025. Screening of co-cultured wood rot fungi for efficient inhibition of *Bursaphelenchus xylophilus*[J]. *Scientia Silvae Sinicae*, 61(11): 116–124. (in Chinese)
- 张林莹, 潘欣瑜, 樊海霞, 等. 2025. 多组学比较解析抗病与感病杨树应对胶孢炭疽菌胁迫的差异调控机制[J]. *树木医学*, 2(4): 5–13.
- Zhang L X, Pan X Y, Fan H X, et al. 2025. Multi-omics comparative analysis reveals differential regulatory mechanisms in resistant and susceptible poplar in response to *Colletotrichum gloeosporioides* infection[J]. *Tree Health*, 2(4): 5–13. (in Chinese)
- 赵小玉, 张梦园, 常家德, 等. 2025. 不同生境下北京园林树木健康状况[J]. *应用生态学报*, 36(7): 2028–2038.
- Zhao X Y, Zhang M Y, Chang J H, et al. 2025. Health status of landscaping trees in different habitats in Beijing, China[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 36(7): 2028–2038. (in Chinese)
- 赵敏. 2025. 落叶松家系抗松材线虫病生理生化与代谢响应研究[D]. 哈尔滨: 东北林业大学.
- Zhao M. 2025. Study on physiological, biochemical and metabolic responses of Larch families resistant to pine wood nematode disease[D]. Harbin: Northeast Forestry University. (in Chinese)
- 郑哲, 李越, 陈凤毛, 等. 2025. 马尾松感染松材线虫后的早期诊断指标筛选[J]. *南京林业大学学报(自然科学版)*, 49(6): 81–88.
- Zheng Z, Li Y, Chen F M, et al. 2025. Early diagnostic indicator screening after the infection of *Pinus massoniana* by *Bursaphelenchus xylophilus*[J]. *Journal of Nanjing Forestry University (Natural Sciences Edition)*, 49(6): 81–88. (in Chinese)
- 庄宇彤, 戴歆祚, 暴可心, 等. 2025. 树木非侵染性病害的发生原因与诊断[J]. *树木医学*, 2(3): 16–29.
- Zhuang Y T, Dai X Y, Bao K X, et al. 2025. The causes and diagnosis of non-infectious diseases in trees[J]. *Tree Health*, 2(3): 16–29. (in Chinese)
- Chen Q L, Zhang J W, Ye L F, et al. 2025a. Methyl jasmonate induced tolerance effect of *Pinus koraiensis* to *Bursaphelenchus xylophilus*[J]. *Pest Management Science*, 81(1): 80–92.
- Chen G, Wu M Q, Liu L X, et al. 2025b. A lightweight improved YOLOv8 method for intelligent detection of pine wilt disease[J]. *Scientific Reports*, 15: 41026.
- Deng Y H, Wu B X, Tang J D, et al. 2025a. Metabolic changes and potential biomarkers in different cultivars of black poplar: Aiding in the identification of poplar cultivars[J]. *Plant Physiology and Biochemistry*, 223: 109891.
- Deng T T, Wang L M, Zhu T H. 2025b. Isolation of *Bacillus amyloliquefaciens* D39 and identification of its antimicrobial proteins active against chestnut blight[J]. *Microorganisms*, 13(6): 1302.
- Dong W F, Xie Q J, Li J X, et al. 2025. BpMAPK3-mediated BpWRKY53 phosphorylation enhances *Betula platyphylla* drought stress tolerance by increasing flavonoid content[J]. *The Plant Journal*, 121(6): e70089.
- Downie A E, Tung J. 2025. Evolutionary genetics meets ecological immunology: Insights into the evolution of immune systems[J]. *Current Opinion in Genetics & Development*, 95: 102411.
- Guo H T, Fu Y C, Zhong L C, et al. 2025. High-quality assembly of the apple fungal pathogen *Marssonina coronaria* genome and functional analysis of candidate effectors[J]. *Plants*, 14(11): 1638.
- Gurusamy D, Sakthi A R, Selvi C, et al. 2025. RNAi technology against forest pests: Opportunities, challenges and future prospects[M]. Smaghe G, Palli S R, Swevers L RNA Interference in Agriculture: Basic Science to Applications: From Bioinformatics and Laboratory Assays over Regulatory Issues to Field Uses. Cham: Springer Nature Switzerland: 475–513.
- Han S J, Zhao L L, Pan M, et al. 2025. Screening of larch endophytic bacteria with nematicidal activity against *Bursaphelenchus xylophilus* and the biocontrol potential for pine wilt disease[J]. *Pest Management Science*, 81(9): 5630–5648.
- He L J, Guo A, Li X L, et al. 2025a. Dicer-like genes are essential for efficient plant infection in the rubber tree powdery mildew fungus *Erysiphe quercicola*[J]. *FEMS Microbiology Letters*, 372: fna032.
- He X T, Zhang Y F, Xu C B, et al. 2025b. A temperature-responsive regulator that enhances virulence in the kiwifruit canker pathogen *Pseudomonas*

- syringae* pv. *actinidiae*[J]. [Computational and Structural Biotechnology Journal](#), 27: 1935–1944.
- He J, Diao G Z, Feng Y F, *et al.* 2025c. Genome assembly and DNA methylation variation in an epimutant population of hybrid poplar clone NL895[J]. [Plant Physiology](#), 199(2): kiaf415.
- He Y T, Su X Z, Ma W M, *et al.* 2025d. Chaetoglobosin D isolated from the endophytic fungus MG2 exhibited a good control to apple tree *Valsa* canker[J]. [Pesticide Biochemistry and Physiology](#), 213: 106563.
- Hu X, Wang S R, Wang Z G, *et al.* 2025. Transcriptomic and metabolomic insights into pine wood nematode resistance mechanisms in *Pinus massoniana*[J]. [Tree Physiology](#), 45(10): tpafl04.
- Huang Z C, Li X M, Cai F L, *et al.* 2025a. GWSF-EuSWAP70 gene expression to enhance gray mold resistance in *Arabidopsis thaliana*[J]. [BMC Plant Biology](#), 25: 152.
- Huang M B, Han S, Li M M, *et al.* 2025b. The Cysteine-Rich Peptide PeGASA15 from *Populus euphratica* enhances drought and salinity tolerance in poplar[J]. [Industrial Crops and Products](#), 237: 122150.
- Jeyaraj A, Liu S J, Han R, *et al.* 2025. The regulation of auxin receptor gene *CsAFB2* by *csn-miR393a* confers resistance against *Colletotrichum gloeosporioides* in tea plants[J]. [Molecular Plant Pathology](#), 26(4): e13499.
- Jiang N, Voglmayr H, Li J R, *et al.* 2025a. Species diversity of *Cytospora* associated with forest canker diseases in Xizang (Tibet), China[J]. [Persoonia - Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi](#), 55(1): 361–438.
- Jiang N, Xue H, Li Y. 2025b. Novel genus and species of Diaporthostomataceae (diaporthales) in China[J]. [IMA Fungus](#), 16: e145422.
- Ju F Y, Qi Z Q, Tan J J, *et al.* 2025. Development of a recombinase polymerase amplification method combined with a lateral flow dipstick assay for rapid detection of the larch pathogen *Neofusicoccum laricinum*[J]. [Plant Disease](#), 109(2): 278–288.
- Lei M L, Zhang J, Wang J, *et al.* 2025. An apple susceptibility-related LRR receptor-like kinase MdRLK21 activates plant immunity by hijacking a trans-Kingdom fungal microRNA-like RNA[J]. [Advanced Science](#), 12(38): e17426.
- Li W W, Liu F F, Chen S F, *et al.* 2025a. High genetic diversity and limited regional population differentiation in populations of *Calonectria pseudoreteauidii* from *Eucalyptus* plantations[J]. [Phytopathology®](#), 115(1): 97–105.
- Li J, Ding Y T, Jiang W H. 2025b. Dynamical analysis of a pine wilt disease model with memory-based diffusion and nonlocal effect[J]. [Journal of Mathematical Biology](#), 91: 6.
- Li S Z, Guo Y, Zhang S P, *et al.* 2025c. The transcription factor CfHac1 regulates the degradation of ubiquitin-mediated ER-associated misfolded proteins and pathogenicity in *Colletotrichum fructicola*[J]. [Stress Biology](#), 5: 41.
- Li W, Chu C, Zhang T K, *et al.* 2025d. Pan-genome analysis reveals the evolution and diversity of *Malus*[J]. [Nature Genetics](#), 57(5): 1274–1286.
- Li M, Yang T, Pei Y, *et al.* 2025e. Functional chitinases enhancing *Pinus massoniana* resistance to *Bursaphelenchus xylophilus*[J]. [Pest Management Science](#), 81(12): 7950–7961.
- Li W B, Zhang H X, Pu Y Y, *et al.* 2025f. Effects of drought on carbon–nitrogen dynamics in root exudates of Qinghai spruce[J]. [Tree Physiology](#), 45(8): tpa085.
- Li Q, Meng S, Zhou Y Y, *et al.* 2025g. The miR169z-NF-YA5-GPDHc1 module improves drought tolerance by increasing NAD⁺ levels to inhibit ROS production in *Populus*[J]. [New Phytologist](#), 248(4): 1822–1840.
- Li L, Cheng K X, Du Y, *et al.* 2025h. Rhizosphere microbes from *Populus euphratica* conferred salt stress resistance to *Populus alba* × *Populus glandulosa*[J]. [Plant, Cell & Environment](#), 48(12): 8743–8755.
- Lin X R, Yang Y C, Huang C, *et al.* 2025. Transcriptome analysis reveals that a Gti1/Pac2 family gene, *CpSge1*, regulates fungal growth, stress response, and virulence in *Cryphonectria parasitica*[J]. [Phytopathology®](#), 115(5): 521–534.
- Liu D C, Zhao W X, Xia J P, *et al.* 2025a. *Fusarium* and *Neocosmospora* species associated with the decline of *Metasequoia glyptostroboides* in China[J]. [Plant Disease](#), 109(5): 1031–1050.
- Liu Q L, Li G Q, Liang Y H, *et al.* 2025b. Integrated genome and transcriptome analysis reveals pathogenic mechanisms of *Calonectria eucalypti* in *Eucalyptus* leaf blight[J]. [BMC Genomics](#), 26: 695.
- Liu H C, Li Z L, Huang L Y, *et al.* 2025c. Assessment of forest loss following snow and ice storms using the LiDAR forest structure change index[J]. [Plant Phenomics](#), 7(3): 100057.
- Liu J N, Yan L P, Chai Z J, *et al.* 2025d. Pan-genome analyses of 11 *Fraxinus* species provide insights into salt adaptation in ash trees[J]. [Plant Communications](#), 6(1): 101137.
- Liu X, Bao Y, Zhang M Y, *et al.* 2025e. SC35-mediated bZIP49 splicing regulates K⁺ channel AKT1 for salt stress adaptation in poplar[J]. [Nature Communications](#), 16: 7266.
- Liu X R, Tian C M, Xiong D G. 2025f. A putative elicitor CcHE1 from *Cytospora chrysosperma* enhances plant resistance to phytopathogenic fungi[J]. [Pest Management Science](#), 81(9): 5470–5483.
- Luo C Y, Lu Y, Su L, *et al.* 2025a. Whole genome sequencing and analysis of the symbiotic *Armillaria gallica* M3 with *Gastrodia elata*[J]. [BMC Genomics](#), 26: 324.
- Luo L H, Tian W, Liu Q, *et al.* 2025b. Rapid and quantitative detection of *Botryosphaeria dothidea* by surface-enhanced Raman spectroscopy with size-controlled spherical metal nanoparticles combined with machine learning[J]. [International Journal of Food Microbiology](#), 440: 111288.
- Ma Z Y, Liu F, Tsui C K M, *et al.* 2025a. Phylogenomics and adaptive evolution of the *Colletotrichum gloeosporioides* species complex[J]. [Communications Biology](#), 8: 593.
- Ma Y H, Zhao Y J, Huang H Q, *et al.* 2025b. Decursin, identified via high-throughput chemical screening, enhances plant disease resistance via two independent mechanisms[J]. [Molecular Plant Pathology](#), 26(6): e70101.
- Malone S C, Thompson R A, Chow P S, *et al.* 2025. Water, not carbon, drives drought-constraints on stem terpene defense against simulated bark beetle attack in *Pinus edulis*[J]. [New Phytologist](#), 245(1): 318–331.
- Metheringham C L, Plumb W J, Flynn W R M, *et al.* 2025. Rapid polygenic adaptation in a wild population of ash trees under a novel fungal epidemic[J]. [Science](#), 388(6754): 1422–1425.
- Ming Z X, Yang R R, Zeng S, *et al.* 2025. The PDZ domain-containing protein

- prec is involved in virulence and stress tolerance in the poplar canker bacterium *Lonsdalea populif*[J]. *Phytopathology*, 115(9): 1109–1117.
- Oostlander A G, Fleißner A, Slippers B. 2025. Advancing forest pathology: The need for community-driven molecular experimental model systems[J]. *New Phytologist*, 247(4): 1599–1607.
- Ouyang Z L, Liu B, Li T K, et al. 2025. Effects of aluminum on metabolism of reactive oxygen species and reactive nitrogen species in root tips of different *Eucalyptus* species[J]. *BMC Plant Biology*, 25: 55.
- Pan J L, Yu Z J, Dai W H, et al. 2025. Genomic insights into *Neofusicoccum laricinum*: The pathogen behind Chinese larch shoot blight[J]. *Journal of Fungi*, 11(5): 399.
- Pang J Z, Xu H, Xu Y, et al. 2025. Flash droughts threaten global managed forests[J]. *Nature Communications*, 16: 11027.
- Peng C J, Wang Y, Zhou X, et al. 2025a. Isolation/characterization of *Colletotrichum gloeosporioides* from tea and MeJA-induced antioxidant defenses[J]. *Microbiology Research*, 16(10): 220.
- Peng X P, Wang S K, Zhang Y P, et al. 2025b. Development of a new ERA-CRISPR/Cas12a method for rapid sensitive detection of *Ralstonia pseudosolanacearum* in *Eucalyptus*[J]. *Frontiers in Plant Science*, 16: 1706542.
- Qazi I H, Yuan T, Liu X, et al. 2025. Identification of *Pseudocercospora mori* as the causal agent of grey leaf spot disease in mulberry (*Morus atropurpurea*) from various localities in Guangdong Province, China[J]. *Frontiers in Plant Science*, 16: 1648690.
- Qin X, Xiao Y T, Xiong Q, et al. 2025. Four antimicrobial compounds and ISR induction are involved in biocontrol of crown gall disease by the plant beneficial rhizobacterium *Bacillus velezensis* FZB42[J]. *Plant Disease*, 109(8): 1760–1769.
- Sangwan A J, Singh N. 2025. Advanced nanostrategies for biomolecule delivery in plant disease management[J]. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 73(1): 66–84.
- Shao H D, Li Q, Chen J, et al. 2025. Regulatory role of the *Bxy-gld-1* in meiosis and oocyte development of *Bursaphelenchus xylophilus*[J]. *Pest Management Science*, 81(8): 4839–4847.
- Shi W S, Luo J L, Li J C, et al. 2025. The MYB transcription factor PtoPHL3 positively regulates poplar resistance to canker disease caused by *Dothiorella gregaria*[J]. *Tree Physiology*, 45(4): tpa028.
- Song L M, Liu W Y, Ma Y F, et al. 2025a. Comprehensive insights into pinewood nematode effectors: Evolutionary diversity, functional roles, and implications for pine wilt disease management[J]. *Plant, Cell & Environment*, 48(9): 6748–6764.
- Song Z H, Yang Q, Dong B Y, et al. 2025b. Nanopore RNA direct sequencing identifies that m6A modification is essential for sorbitol-controlled resistance to *Alternaria alternata* in apple[J]. *Developmental Cell*, 60(10): 1439–1453.
- Su S R, Li G S, Ge S Q, et al. 2025. Analysing fungal microbiome differences between the roots of healthy and diseased Chinese hickory (*Carya cathayensis*) trees[J]. *Scientific Reports*, 15: 44018.
- Tan S X, Chen S S, Zhang H Y, et al. 2025. The PopbZIP2-PopMYB4 regulatory module enhances disease resistance in poplars by modulating proanthocyanidin accumulation[J]. *New Phytologist*, 246(1): 218–236.
- Tang L, Zhu L L, Wu X Y, et al. 2025. A toxin of *Valsa mali* determines virulence and host preference[J]. *Molecular Plant Pathology*, 26(6): e70106.
- Tao L L, Zhu J Y, Hu J B, et al. 2025a. Pangenome analyses of tea plants reveal structural variations driving gene expression alterations and agronomic trait diversification[J]. *Nature Communications*, 17: 372.
- Tao Y N, Wang P K, Gong Y L, et al. 2025b. A positive regulator *CsPR10-9* confers resistance to anthracnose (*Colletotrichum gloeosporioides*) is negatively regulated by CsMYB72 in tea plants[J]. *Plant, Cell & Environment*, 48(9): 6965–6981.
- Tian R Z, Tian Y J, Dang Q Q, et al. 2025. Vascular network-mediated systemic spread of *Pseudomonas syringae* pv. *actinidiae* causes the bacterial canker of kiwifruit[J]. *Horticultural Plant Journal*, 11(6): 2093–2108.
- Wang Q C, Zhan Z J, Sattar A, et al. 2025a. *Pestalotiopsis* (Amphisphaerales, Sporocadaceae) species including six new taxa inhabiting pines from different climate zones in China[J]. *IMA Fungus*, 16: e151614.
- Wang Q C, Liu F F, Xu H C, et al. 2025b. Whole-genome sequencing of global forest pathogen *Diplodia sapinea* causing pine shoot blight[J]. *BMC Genomic Data*, 26: 37.
- Wang R Q, Wang Y T, Fu S N, et al. 2025c. Combining whole genome and transcriptome sequencing to analyze the pathogenic mechanism of *Diplodia sapinea* blight in *Pinus sylvestris* var. *mongolica* Litv[J]. *Virulence*, 16: 2490216.
- Wang Z F, Liu P G, Jiao C Z, et al. 2025d. Haplotype-resolved genome assembly and population genomics reveal evolutionary history and agronomic traits of mulberry[J/OL]. *Plant Biotechnology Journal*: 1–18. [https://doi: 10.1111/pbi.70473](https://doi.org/10.1111/pbi.70473).
- Wang T Y, Xie M H, Hou S Y, et al. 2025e. Walnut PR10/Bet v1-like proteins interact with chitinase in response to anthracnose stress[J]. *Journal of Evolutionary Biology*, 38(3): 391–403.
- Wang W, Wang W X, Jiang J, et al. 2025f. *Populus simonii* × *Populus nigra* overexpressing *PsnWRKY70* recruits phyllosphere bacterial strains that inhibit *Alternaria alternata*[J]. *mSystems*, 10(9): e01765–e01724.
- Wang G, Chai G Q, Aierken N, et al. 2025g. Monitoring forest damage caused by pine wilt disease with remote sensing technologies: A review[J]. *IEEE Geoscience and Remote Sensing Magazine*, 14(1): 286–305.
- Wang H, Liu W, Mao Y R, et al. 2025h. Risk assessment and resistance mechanism of *Pseudomonas syringae* pv. *actinidiae* to streptothricins[J]. *Pest Management Science*, 81(9): 5835–5847.
- Wei S Y, Zheng B Y, Wang S Y, et al. 2025. Integrated analysis of *Populus deltoides* *PR1* genes uncovered a PdePR1 as a defense marker against foliar rust[J]. *Plant Physiology and Biochemistry*, 222: 109769.
- Wen T Y, Wu X Q, Ye J R. 2025a. Metabolome analysis and functional characterization reveals that d-gluconic acid contributes to pine defence against *Bursaphelenchus xylophilus* infection[J]. *Pest Management Science*, 81(12): 8395–8408.
- Wen X J, Liu Q, Tang X Y, et al. 2025b. A lightweight convolutional neural network for tea leaf disease and pest recognition[J]. *Plant Methods*, 21: 129.
- Wu J, Dai T T, Wang X Z, et al. 2025a. Molecular detection methods for forest pathogens[J]. *Critical Reviews in Plant Sciences*, 44(2): 47–69.
- Wu J, Chen Q, Yang L R, et al. 2025b. Detection of pine wood nematodes by

- droplet digital PCR, qPCR, and RPA-LFA[J]. *Phytopathology Research*, 7: 71.
- Wu H Y, Lin X R, Tian C M, *et al.* 2025c. Establishment of an RAA-CRISPR/Cas12a assay based on *CpSge1* for rapid detection of *Cryphonectria parasitica*[J]. *Microbiology Spectrum*, 13(11): e01079–e01025.
- Wu Y, Hong K, Zhang J, *et al.* 2025d. Design, synthesis, antifungal evaluation, and quantitative structure–activity relationship of novel indole derivatives containing the imidazo [2, 1-*b*] thiazole moiety against phytopathogenic fungi[J]. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 73(36): 22185–22195.
- Xie D, Chen H W, Jia N Y, *et al.* 2025a. Ophiostomatoid fungi associated with *Hylurgus ligniperda*, including six new species from Eastern China[J]. *IMA Fungus*, 16: e169382.
- Xie L, Bao X X, Chen S F, *et al.* 2025b. The effects of small geographical resolution and age on the phyllosphere microbial diversity of *Castanopsis eyrei* in subtropical forest[J]. *Microbiology Spectrum*, 13(3): e02091–e02024.
- Xie W Y, Shen J, Tian Y, *et al.* 2025c. Physiological, transcriptomic and MdABR1-mediated mechanisms underlying manganese resistance in ‘Fuji’ apple[J]. *Plant Science*, 359: 112671.
- Xu S Y, Li Q S, Jin H J, *et al.* 2025. Trehalose biosynthetic genes are involved in the development and pathogenesis in the poplar canker fungus *Cytospora chrysosperma*[J]. *Phytopathology*, 115(3): 260–268.
- Yang J Y, Sun M L, Pan Y T, *et al.* 2025a. The CgDbf2/CgMob1-CgCdc14 phosphorylation module mediated phosphatase activity regulates MEN signalling and pathogenicity in *Colletotrichum gloeosporioides*[J]. *Plant, Cell & Environment*, 48(12): 8431–8448.
- Yang X, Wang Y, Sun Y, *et al.* 2025b. Integrated transcriptomics and metabolomics revealed the role of the flavonoid pathway in the resistance of *Zanthoxylum bungeanum* against leaf rust[J]. *Scientia Horticulturae*, 341: 113990.
- Yang Y, Wang J, Han F C, *et al.* 2025c. VfUGT87H9 enhances *Fusarium* resistance in *Vernicia fordii* via myricetin glucosylation-mediated flavonoid metabolism[J/OL]. *Plant, Cell & Environment*. <https://doi.org/10.1111/pce.70333>.
- Yang J Y, Zhao L T, Wang Z, *et al.* 2025d. An α , α -dihalogenated acetophenone derivative: A novel antifungal agent with a dual-targeting mechanism against *Colletotrichum gloeosporioides*[J]. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 73(46): 29538–29550.
- Yu L, Wang Y N, Wang X, *et al.* 2025. Transcriptomic, metabolomic and proteomic analyses reveal that terpenoids and flavonoids are required for *Pinus koraiensis* early defence against *Bursaphelenchus xylophilus* infection[J]. *BMC Plant Biology*, 25: 185.
- Yuan S Q, Li Y D, Peng C X, *et al.* 2025a. The SWI/SNF complex subunit CgSwi1 is indispensable for host-derived ROS scavenging and infectious growth in *Colletotrichum gloeosporioides*[J]. *Virulence*, 16: 2541755.
- Yuan Z X, Yu Y J, Yang T M, *et al.* 2025b. The enzyme glucose-1-phosphate thymidyltransferase RmlA plays a crucial role in the pathogenesis of *Pectobacterium actinidiae* GX1[J]. *Molecular Plant Pathology*, 26(7): e70118.
- Zeng J Y, Chen K D, Wei B F, *et al.* 2025. Endophytic *Bacillus velezensis* GsB01 controls *Gleditsia sinensis* wilt by secreting antifungal metabolites and modulates symbiotic microbiota within trees[J]. *Pest Management Science*, 81(3): 1229–1238.
- Zhang Z X, Shang Y X, Liu Q Y, *et al.* 2025a. Deciphering the evolutionary and taxonomic complexity of Diaportheales (Sordariomycetes, Ascomycota) through integrated phylogenomic and divergence time estimation[J]. *Fungal Diversity*, 132(1): 551.
- Zhang S P, Luo J, Chen Y, *et al.* 2025b. Vesicle trafficking mediated by small GTPase Cfrab6 in association with Cfric1 and Cfrgp1 governs growth, conidiation, and pathogenicity of *Colletotrichum fructicola*[J]. *International Journal of Biological Macromolecules*, 289: 138988.
- Zhang S F, Yan S S, Zhang L, *et al.* 2025c. Overexpression of Lol-miR11467 negatively affects osmotic resistance in *Larix kaempferi* 3 \times *L. gmelinii* 9[J]. *BMC Plant Biology*, 25: 592.
- Zhang M, Zhou X L, Li H, *et al.* 2025d. Study on leaf rust resistance in *Populus* germplasm resources based on multi-model GWAS and selective sweep analysis[J/OL]. *Plant Disease*. <https://doi.org/10.1094/PDIS-03-25-0610-RE>.
- Zhang J W, Jia H Q, Ye L F, *et al.* 2025e. Benzothiadiazole induces *Pinus koraiensis* to resist pine wilt disease[J]. *Pesticide Biochemistry and Physiology*, 213: 106522.
- Zhang X, Gao Y Q, Fu L J, *et al.* 2025f. Early feature study of Yunnan pine pinewood nematode disease based on hyperspectral remote sensing of ground objects[J]. *Scientific Reports*, 15: 26490.
- Zhang W, Li Y X, Yang C, *et al.* 2025g. Dynamics of phyllosphere microbiome and screening of antagonistic microbes for managing needle cast disease of *Pinus tabulaeformis*[J]. *Industrial Crops and Products*, 238: 122344.
- Zhang R Z, Zhang S, Xia R, *et al.* 2025h. From resistance mechanism to green application: Discovery of rutaevin as a key phytoalexin in larch and cross-species resource optimization[J]. *Plants*, 14(19): 2947.
- Zhang Q L, Liu F Y, Guo Q Q, *et al.* 2025i. Enhancing apple disease resistance using magnetic nanoparticles carrying artificial miRNAs that suppress a tRNA-derived small RNA targeting a disease-resistant gene[J]. *Plant Communications*, 7(3): 101681.
- Zhang S, Zhang R Z, Xia R, *et al.* 2025j. The mechanism of fraxetin as a sustainable fungicide for larch shoot blight: Lipid peroxidation and oxidative stress in *Neofusicoccum laricinum*[J]. *Journal of Fungi*, 11(10): 724.
- Zhang C, Tao N, Yang W J, *et al.* 2025k. 5-fluoroindole inhibits its putative target methionine synthase and *Pseudomonas syringae* pv. *actinidiae* virulence[J]. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 73(26): 16193–16204.
- Zhao H, Wu F, Dai Y C, *et al.* 2025a. Divergence time and biogeography of the fungal genus *Porodaedalea* (Basidiomycota, Hymenochaetales), obligate phytopathogens on coniferous trees[J]. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 212: 108425.
- Zhao L J, Wei X Y, Chen F Y, *et al.* 2025b. m⁶A demethylase CpALKBH regulates *CpZap1* mRNA stability to modulate the development and virulence of chestnut blight fungus[J]. *mBio*, 16: e01844–e01824.
- Zhao P Z, Sun Y W, Chen X Y, *et al.* 2025c. A small peptide APP3-14

- disrupts pathogen–insect mutualism by modulating plant MYC₂-mediated olfactory defense[J]. *Plant Communications*, 6(12): 101544.
- Zhao H C, Luo X, Guo C H, *et al.* 2025d. Transcriptome and microRNA analysis of *Juglans regia* in response to low-temperature stress[J]. *International Journal of Molecular Sciences*, 26(4): 1401.
- Zhao Z P, Lei J Y, Zhang M, *et al.* 2025e. Identification and characterization of NAC transcription factors involved in pine wilt nematode resistance in *Pinus massoniana*[J]. *Plants*, 14(15): 2399.
- Zhao P Z, Yang H, Sun Y W, *et al.* 2025f. Targeted MYC₂ stabilization confers *Citrus Huanglongbing* resistance[J]. *Science*, 388(6743): 191–198.
- Zhao H H, Lin X Y, Wang M Z, *et al.* 2025g. Targeting *V-ATPase* subunits via RNA interference disrupts ultrastructural and normal life activities in *Bursaphelenchus xylophilus*: A novel strategy for sustainable pine wilt disease management[J]. *Pest Management Science*, 81(10): 6953–6964.
- Zhou Y, Zhu Z X, Feau N, *et al.* 2025a. Rapid detection of *Hymenoscyphus fraxineus* using genome-specific primers based on loop-mediated isothermal amplification assay[J]. *Pest Management Science*, 81(10): 6598–6608.
- Zhou Y B, Wang X H, Chen K M, *et al.* 2025b. Feasibility and potential of terahertz spectral and imaging technology for Apple *Valsa* canker detection: A preliminary investigation[J]. *Spectrochimica Acta Part A: Molecular and Biomolecular Spectroscopy*, 327: 125308.
- Zhu M, Yan J W, Long X S, *et al.* 2025. Discovering the antibacterial activity of tryptanthrin derivatives for controlling kiwifruit canker and tobacco wilt disease[J]. *Pest Management Science*, 81(7): 3943–3955.
- Zhuang Y T, Xia R, Yang F, *et al.* 2025. Effective dose reduction of emamectin benzoate through inhibition of bx-SDR3 in pine wood nematode management[J]. *International Journal of Molecular Sciences*, 26(4): 1679.