

## 鸡爪槭叶枯病病原间座壳属真菌的多样性

万羽, 朱丽华\*

(南京林业大学林学与草原学院, 江苏南京 210037)

**摘要:**【目的】明确鸡爪槭叶枯病病原间座壳属真菌的分类地位及物种多样性。【方法】本研究在安徽, 福建, 贵州, 湖北, 湖南, 江苏, 上海, 和浙江 8 个省份进行鸡爪槭叶枯病的病害调查及样品采集。采用组织分离法及单孢分离法进行病原菌的分离与纯化。结合多基因串联 (ITS、*TEF*、*TUB*、*HIS* 和 *CAL*) 构建系统发育树、谱系一致性系统发育物种识别 (Genealogical Concordance Phylogenetic Species Recognition, GCPSR) 及形态学鉴定明确病原菌的分类地位。对病原菌进行致病性测定, 明确病原菌的致病力差异。

【结果】共收集到 27 份鸡爪槭叶枯病样品, 分离得到 251 株间座壳属真菌。基于多基因串联构建的系统发育树表明 70 个代表菌株隶属于间座壳属的 3 个复合种 (*Diaporthe eres* species complex, *D. sojae* species complex 和 *D. arecae* species complex)。且这些菌株以高支持率分别聚集在 23 个分枝上, 其中菌株 FJ9 和 FJ19, 菌株 AH21, GZ12, GZ31, XZ31 及菌株 GZ28, HN4, HN6, HN11, XZ35 分别与 *D. fructicola*, *D. huangshanensis*, 及 *D. hunanensis* 和 *D. fulvicolor* 聚集在一起且处于独立的分枝。GCPSR 分析表明菌株 FJ9 和 FJ19 与 *D. fructicola*, 菌株 AH21, GZ12, GZ31, XZ31 与 *D. huangshanensis*, 菌株 GZ28, HN4, HN6, HN11 与 *D. hunanensis* 及 *D. fulvicolor* 的成对同质性指数 (pairwise homoplasy index, PHI) 均等于 1。通过形态学比较, 这些菌株与各自的近缘种之间具有显著差异。因此, 结合系统发育树, GCPSR 分析结果及形态学特征将这 70 个菌株鉴定为间座壳属的 20 个已知种 (*D. acuta*、*D. araliae-chinensis*、*D. biconispora*、*D. biguttulata*、*D. camelliae-oleiferae*、*D. caryae*、*D. celeris*、*D. cercidis*、*D. discoidispora*、*D. eres*、*D. fructicola*、*D. compacta*、*D. huangshanensis*、*D. musigena*、*D. oculi*、*D. pseudoooculi*、*D. sackstonii*、*D. schimae*、*D. sojae* 和 *D. unshiuensis*) 及 3 个新种 (*D. ningdensis*、*D. taii* 和 *D. tengii*)。致病性测定表明菌株 *D. eres* JZQJ5 的致病力最强 ( $19.0 \pm 2.5$  mm), 菌株 *D. oculi* SX24 和 *D. ningdensis* FJ7 的致病力次之, 病斑大小分别为  $18.2 \pm 2.5$  mm 和  $16.5 \pm 2.0$  mm, 其余菌株的致病力相对较弱, 病斑小于 12.4 mm。【结论】本研究首次对间座壳引起的鸡爪槭叶枯病进行广泛的病害调查。阐明了间座壳属三个复合种群中 20 个已知物种及三个新种的系统发育, 且对新种提供了全面的形态学特征描述。这些间座壳属物种的致病力具有显著差异。这些病原的鉴定为了解植物病害及真菌多样性提供了有价值的信息。这些信息将促进进化、生态和植物病理学方面进行更多的研究。