

中国核桃子囊菌多样性研究

王飞虎¹, 曾倩¹, 刘超¹, 许秀兰^{1,2}, 杨春琳¹, 刘应高^{1*}

(1 四川农业大学林学院, 四川成都 611130; 2 成都农林科学院林业研究所, 四川成都 611130)

摘要:【目的】中国是核桃的原产地之一, 已经有 2000 多年的核桃栽培历史, 核桃栽植面积和产量位居世界第一, 出口量世界第二位。核桃在我国分布广泛, 各个省份几乎都有栽植。其中以云南、新疆、四川为主要种植区。核桃是世界上广泛种植的重要经济树种。核桃真菌也随着它们的宿主分布在全球各地, 其中最主要的类群为子囊菌。然而子囊菌传统的分类主要依据形态特征、菌落特征和寄主专化性进行, 但同一种病原菌能够侵染不同的寄主, 而不同种类的病原菌也可侵染同一种寄主植物, 因而寄主专化性不再是可靠的分类标准或依据。同时随着子囊菌新类群的不断增多, 使得以形态特征为基础的分类学结果常常出现误判。加之模式标本和活体菌株的缺乏, 导致早期记载的大部分类群都无从考证。这种分类学体系的不完善以及物种记述与命名现状的混乱给该类群真菌的识别及病害的防治都带来了极大的困扰, 因此, 本研对核桃子囊菌分类学展开研究。【方法】本研究利用形态学分析和多基因系统发育分析的方法, 对中国西南地区四川省的核桃生子囊菌进行了调查研究。通过采集具有感病症状的枝、叶、果实及核桃林下凋落物获得样品。为了准确的确定物种, 根据本研究的分子数据和从 GenBank 下载的序列, 对每个物种进行了单独的系统发育分析。形态学上相似的种和系统发育上接近的分类群被比较和讨论。提供了所有这些分类群的详细描述和图解。【结果】本研究通过调查取样, 共获得核桃微生物样品 520 份, 分离鉴定出 365 株菌株, 隶属于 1 门 4 纲 17 目 28 科 46 属 106 种。据报道, 这些真菌中的一些是多种植物的病原体。但大部分都是第一次在核桃上发现。基于形态和系统发育的差异, 本研究鉴定并描述了 25 个新种。同时报道了 *Gnomoniaceae* 一新属 *Neomelanconis* 和 38 个寄主新记录。这项工作进一步证明核桃植物包含高度的真菌多样性, 包括许多以前未知的物种。分类学上的新发现: 新属: *Neomelanconis* F.H. Wang & C.L. Yang; 新种: *Botryosphaeria gaoxianense*, *B. neijiangense*, *B. yibinense*, *Dothiorella pugeense*, *Lasiodiplodia chongzhouense*, *L. Juglans*, *Neofusicoccum juglans*, *N. wenchuanense*, *Cladosporium lixianense*, *Sphaerulina liangshanense*, *Kirschsteiniotelia yantingense*, *Periconia yantingense*, *Alternaria ganzhiense*, *Aurantiascoma juglans*, *Diaporthe mianyangense*, *Neomelanconis juglans*, *Ophiognomonia lixianense*, *Juglanconis beichuanense*, *J. chengduense*, *Colletotrichum beichuanense*, *C. shehongense*, *Nectri huiliense*, *Trichothecium chongzhouense*, *Scopulariopsis neijiangense*, *Paraeutypella neijiangense*。【结论】本研究通过对四川省核桃子囊菌的收集与鉴定, 丰富了真菌资源库物种及基因数据, 通过对获得的真菌类群进行多样性分析, 摸清了该群落的分布特征, 为后续研究提供了一定的基础数据, 同时也为核桃病害防治和真菌可持续利用等提供了参考, 具有重要的理论价值和实践意义。