

引起马尾松赤枯病的三种拟盘多毛孢属真菌新种

万羽, 李慧, 朱丽华

(南京林业大学; 210037)

摘要:【目的】明确引起马尾松赤枯病的病原菌及其分类地位。【方法】于安徽、江苏、广西和福建 4 个省份进行马尾松赤枯病调查及样品采集。采用组织分离法进行病原菌的分离与纯化。通过孢子悬浮液接种明确马尾松赤枯病的病原菌。结合形态学鉴定、多基因串联 (ITS、TEF 和 TUB) 系统发育分析及谱系一致性系统发育物种识别 (Genealogical Concordance Phylogenetic Species Recognition, GCPSR) 明确病原菌的分类地位。【结果】广西的感病针叶症状有顶端枯死和段斑枯死两种类型, 而安徽、江苏及福建的感病针叶只观察到顶端枯死型。共分离获得 287 株拟盘多毛孢属 (*Pestalotiopsis*) 菌株。每个地区每种病害症状随机挑选 5 株共 25 株 (AH1-1 至 AH1-5, BM1 至 BM1-5, DB1-1 至 DB1-5, FJ1-1 至 FJ1-5 和 LZ1-1 至 LZ1-5) 进行致病性测定。结果表明, 所有菌株均具有致病性, 马尾松发病率均为 100%, 经组织再分离后获得与接种菌株培养特征一致的真菌, 表明这些菌株是引起马尾松赤枯病的病原菌。形态学观察及 ITS 测序结果表明, 这 25 个菌株隶属于拟盘多毛孢属的 5 个分类单元。系统发育分析结果显示病原菌 FJ1-1 至 FJ1-5 与 *P. clavata* 聚为一个分枝; 病原菌 LZ1-1 至 LZ1-5 与 *P. lushanensis* 聚为一个分枝; 病原菌 AH1-1 至 AH1-5, BM1-1 至 BM1-5 和 DB1-1 至 DB1-5 各自处于一个独立的分枝, 且均与 *P. foliicola*, *P. pinicola*, *P. suae* 和 *P. rosea* 亲缘关系很近, 且这 15 个菌株与 *P. foliicola*, *P. pinicola*, *P. suae* 和 *P. rosea* 的成对同质性指数 (pairwise homoplasy index, PHI) 等于 0.047。结合形态学特征、多基因串联构建的系统发育树及 GCPSR 分析将引起马尾松赤枯病的 25 个菌株鉴定为拟盘多毛孢属的 2 个已知种 (*P. clavata* 和 *P. lushanensis*) 及 3 个新种。3 个新种分别被描述为 *P. kendrickii*, *P. jiangsuensis* 和 *P. liuzhouensis*。【结论】本研究对马尾松赤枯病进行了较广泛的调查, 发现该病害由拟盘多毛孢属多种真菌引起, 表明不同省份马尾松赤枯病菌种类存在多样性。这些病原菌的鉴定不仅为了解该病害病原真菌多样性提供了有价值的信息, 也为今后针对该病害制定有效的监测防控管理策略提供有用的信息。

关键词: 马尾松; 拟盘多毛孢属; 致病性测定; 分类; 系统发育分析; GCPSR