

核桃不同品种果面细菌群落对病原菌侵染的响应

王兴红, 苗朔, 边禄森, 刘慧慧

(中国林业科学研究院华北林业实验中心 北京 102300)

摘要:【目的】分离并鉴定引起我国部分核桃产区核桃炭疽病的病原菌种类, 并揭示胶孢炭疽菌侵染核桃不同品种果面细菌群落的变化规律, 研究结果将为该病害的有效防控提供理论依据。【方法】利用常规分离方法分离病原菌, 通过形态学和分子生物学方法鉴定病原菌, 采用柯赫氏法则验证分离的病原菌的致病性; 将果园采集的不同核桃品种感病与未感病果实表面的微生物收集于无菌纤维素膜上, 利用扩增子测序技术对收集的不同细菌群落进行 16s 扩增子测序, 并对数据进行分析。【结果】(1) 从河北、陕西、山东、云南、北京、河南等地的感病样品中分离到 210 株病原菌; 病原菌的培养性状、形态学特征与刺盘孢属真菌一致。

(2) 多基因系统发育分析表明, 21 个菌株与 *Colletotrichum aenigma* 的模式种聚为一支, 自展支持率为 100%; 26 个菌株与 *Colletotrichum godetiae* 模式种聚为一支, 自展支持率为 100%; 32 个菌株与 *Colletotrichum fructicola* 模式种聚为一支, 自展支持率为 100%; 39 个菌株与 *Colletotrichum siamense* 模式种聚为一支, 自展支持率为 100%; 92 个菌株与 *Colletotrichum gloeosporioides* 模式种聚为一支, 自展支持率为 100%。(3) 致病性测定结果表明, *C. aenigma*、*C. godetiae*、*C. fructicola*、*C. siamense*、*C. gloeosporioides* 的菌丝和分生孢子均能引起健康核桃果实发病。(4) α 多样性分析结果显示, *C. gloeosporioides* 侵染易感品种“香玲”与抗性品种“鲁康 1 号”“秋香”果实后果面附生细菌群落的丰富度均显著低于健康果实 ($P < 0.05$), *C. gloeosporioides* 侵染“香玲”果实后果面附生细菌群落的多样性、均一性显著低于健康果实 ($P < 0.05$), *C. gloeosporioides* 侵染“鲁康 1 号”“秋香”果实后果面附生细菌群落的多样性、均一性与健康果实相比差异不显著。(5) 差异丰度分析结果显示, “香玲”果实表面主要富集甲基杆菌属、罗尔斯通菌属 *Ralstonia*、*Methylibium* 属、*Massilia* 属、布丘氏菌属。“鲁康 1 号”果实表面主要富集 *Saccharibacillus* spp. 属、苍白杆菌属、鲍特氏菌属、*Verticillium* spp. 属、柠檬酸菌属。“秋香”主要富集泛菌属、假单胞菌属、布丘氏菌属、类芽孢杆菌属、变色杆菌属和苍白杆菌属。【结论】(1) 我国部分核桃产区核桃炭疽病病原为 5 种 *C. gloeosporioides*、*C. fructicola*、*C. siamense*、*C. aenigma*、*C. godetiae*, 其中胶孢炭疽菌 *C. gloeosporioides* 为优势种, *C. aenigma*、*C. godetiae* 为引起我国核桃炭疽病的新纪录种。(2) 病原菌 *C. gloeosporioides* 侵染易感品种“香玲”和抗性品种“鲁康 1 号”“秋香”果实后, 果面细菌群落的丰富度、多样性和均匀度以及果面富集的细菌群落均不同。

关键词: 核桃炭疽病; 扩增子测序; 果面细菌群落; 刺盘孢属; 系统发育分析