

北京市丰台区林木腐烂病相关真菌类群多样性研究

贾澳丽¹, 范鑫磊^{1,*}

(¹北京林业大学 北京 100083)

摘 要:北京市丰台区森林覆盖率高, 林木树种丰富。但人工林所占的比例较大, 以至于其抵抗病害的能力要比天然林低很多, 因此其相关林木病害发生较为普遍, 尤其以壳囊孢属 *Cytospora* 真菌引起的腐烂病危害严重。壳囊孢属(*Cytospora*)真菌是一类重要的林木病原菌, 在世界范围内广泛分布, 可侵染多种木本植物引起腐烂病和枝枯病。其中以桉树、苹果树和杨柳树腐烂病最为常见, 导致树势衰弱甚至死亡, 造成严重的经济损失和生态破坏。目前针对北京市丰台区危害普遍的真菌性病害的研究较少。本研究通过对北京市丰台区林木腐烂病病害标本的收集, 利用病原菌在寄主组织上的危害特征、子座的类型、孔口的数量、腔室的形状及孢子的大小、培养物的性状等形态学特征, 结合多基因片段构建不同的系统发育树, 分析丰台区不同地点、不同寄主上壳囊孢属真菌的种类及其亲缘关系。主要研究结果如下: (1) 记述丰台区壳囊孢属真菌 7 种, 包括 *C. albodisca*, *C. ailanthicola*, *C. euonymina*, *C. fengtaiensis*, *C. haidianensis*, *C. pinea*, *C. sorbariae*, 其中 *C. fengtaiensis*, *C. pinea*, *C. sorbaria* 为新种, 首次发现壳囊孢属真菌寄生于北美海棠、五角枫和珍珠梅等寄主植物上, 发现壳囊孢属真菌的国内新记录寄主 5 个。(2) 明确了北京市丰台区壳囊孢属真菌主要的形态学分类依据为腔室类型、黑色界限圈和孔口数量。(3) 基于贝叶斯法(BI)和最大似然法(ML)构建的多基因片段系统发育树显示丰台区壳囊孢属真菌的每个种都具有独立的分支且支持率较高(99-100%), ML 与 BI 拓扑结构相似。综合多种方法构建的系统发育树在进行系统发育分析时能够佐证结果的可靠性。*Cytospora sorbariae* 和 *C. fengtaiensis* 均为独立分支, 自举支持率为 100%。基于邻接法(NJ 法)分别构建单基因 ITS 片段和多基因(ITS、*act*、*rpb2*、*tefl-α* and *tub2*)片段的系统发育树, 分析得出 *C. bungeana* 与 *C. pinea* 这两个形态特征较为相似的种, 通过多基因片段联合能够更加准确的区分, 表明多基因片段的联合更适合于壳囊孢属真菌种间的鉴定。(4) 形态学特征与多基因片段构建的分子系统分支的相互验证, 能够更加准确的开展壳囊孢属的种类鉴定。研究结果为了解北京丰台区枝干病害相关壳囊孢属真菌的分类及病害防治提供了坚实的理论依据。

关键词: 林木腐烂病, 壳囊孢属, 分类, 系统发育