

海南省不同寄主植物炭疽病菌侵染油茶研究

李 河^{1,2,*}, 李 杨^{1,2}, 蒋仕强¹, 万 智¹,
李航宇¹, 徐建平^{1,2}, 周国英^{1,2}

(1. 中南林业科技大学林学院, 经济林培育与保护教育部重点实验室, 长沙 410004;

2. 中南林业科技大学林学院, 森林有害生物防控湖南省重点实验室, 长沙 410004)

摘要 为了明确海南省不同寄主植物炭疽病菌侵染油茶的潜力, 本研究分离、鉴定海南省 4 个油茶林中不同寄主植物的炭疽病菌种类及其致病性。结果从油茶、葛根、山麻杆、飞机草、蒲葵、鲫鱼胆、桃花心木、黄兰、羊蹄甲、山矾、银柴、降香黄檀和檀香等 13 种植物上, 共获得 135 株炭疽病菌, 其中果生刺盘孢菌(*Colletotrichum fructicola*) 85 株、暹罗刺盘孢菌(*C. siamense*) 45 株, 盘长孢状刺盘孢菌(*C. gloeosporioides*) 3 株, 君子兰刺盘孢(*C. cliviae*) 和山茶刺盘孢(*C. camelliae*) 各 1 株; 4 个采样地的油茶树与葛根等当地其他 12 种植物具有相同的炭疽病菌 *C. fructicola* 和 *C. siamense*, 这两种菌占总分离炭疽菌的 96%; 通过致病性测定, 不同寄主来源的这 5 种炭疽菌均能引起油茶炭疽病。海南省当地多种植物的炭疽病菌是油茶的潜在侵染源。

关键词 油茶; 炭疽病菌; 致病性

中图分类号: S 435. 659 **文献标识码:** A **DOI:** 10. 3969/j. issn. 0529 - 1542. 2016. 04. 009

The initial inoculum source of oil tea anthracnose in Hainan Province

Li He^{1,2}, Li Yang^{1,2}, Jiang Shiqiang¹, Wan Zhi¹, Li Hangyu¹, Xu Jianping^{1,2}, Zhou Guoying^{1,2}

(1. Key Laboratory for Non-wood Forest Cultivation and Conservation of Ministry of Education, Central South University of Forestry and Technology, Changsha 410004, China; 2. Hunan Provincial Key Laboratory for Control of Forest Diseases and Pests, Central South University of Forestry and Technology, Changsha 410004, China)

Abstract The objective of this study is to clarify the initial inoculum plant source of oil tea anthracnose in Hainan Province. Isolation and identification, artificial infection tests were used for analyzing the pathogens causing oil tea anthracnose in four tea-oil plantations in Hainan. A total of 135 strains of anthracnose pathogen were isolated from the host plants *Camellia oleifera*, *Puerariae radix*, *Alchornea davidii*, *Eupatorium odoratum*, *Livistona chinensis*, *Maesa perlaris*, *Khaya senegalensis*, *Michelia champaca*, *Bauhinia purpurea*, *Symplocos sumuntia*, *Aporosa chinensis*, *Dalbergia odorifera* and *Santalum album*, including *C. fructicola* (85 isolates), *C. siamense* (45 isolates), *C. gloeosporioides* (3 isolates), *C. cliviae* (1 isolate) and *C. camelliae* (1 isolate). *C. fructicola* and *C. siamense* were shared by the oil tea and other 12 plants in the four sampling sites, and the two species accounted for 96% of total isolates. Pathogenicity tests showed that the five *Colletotrichum* species isolated from different host plants could infect oil tea leaves. The anthracnose pathogens of many other plants were the potential infection sources of the oil tea in Hainan Province.

Key words *Camellia oleifera*; anthracnose pathogen; pathogenicity

油茶又名茶子树、油茶树, 在海南被称为山柚茶, 主要是山茶科(Theaceae) 山茶属(*Camellia*) 植物中油脂含量较高且具有栽培经济价值的一类植物的总称, 与橄榄、油棕、椰子并称为世界四大木本油料植物。油茶是我国南方特有的重要木本食用油料树种^[1], 也是海南岛的传统植物资源, 在海南有野生

种和栽培种分布。有别于中国其他油茶分布省区的是, 海南岛特有的气候环境条件孕育了丰富而具有特色的油茶资源, 所产茶籽油的口感与品质有别于内地, 其价格较为昂贵^[2]。油茶炭疽病在海南省发生普遍, 目前的防治方法是砍除病株, 修剪病枝叶等, 减少病原的初始菌量。目前报道的油茶炭疽病

收稿日期: 2015 - 07 - 17 修订日期: 2015 - 09 - 14

基金项目: 国家自然科学基金(31570641, 31100479)

* 通信作者 E-mail: csuftlihe@163. com

菌有 3 种, 分别是盘长孢状刺盘孢菌 (*Colletotrichum gloeosporioides*)、果生刺盘孢菌 (*C. fructicola*) 和暹罗刺盘孢菌 (*C. siamense*); 另外, 我们前期对海南五指山南圣镇油茶炭疽病菌分离鉴定, 也发现该地区的炭疽病原菌主要是果生刺盘孢菌 (*C. fructicola*), 这些研究结果都与以前报道油茶炭疽病菌只是盘长孢状刺盘孢菌 (*C. gloeosporioides*) 的结论不一致^[3-5]; 海南地区其他寄主植物炭疽病是否与油茶炭疽病具有相同的病原菌, 其他寄主植物的炭疽病菌是否也可以侵染油茶, 目前尚不清楚, 这给油茶炭疽病的防治带来困难。本试验拟对海南省油茶和其他寄主植物的炭疽病菌种类及其致病性进行研究, 明确海南省不同寄主植物炭疽病菌侵染油茶的潜力, 为采取有效的防治措施控制油茶炭疽病提供依据。

1 材料与方法

1.1 材料

炭疽病叶样品: 油茶及其他植物炭疽病叶采自均属热带气候、林下植被丰富的海南省南圣镇、通什镇、枫木林场和澄迈林场 4 个样地。南圣镇与通什镇两地处于海南岛中部偏南, 相距 35 km 左右, 采样地通什镇海拔约为 725 m, 南圣镇海拔约为 330 m。年平均温度为 20~23℃, 全年降雨量为 1 687~2 324 mm, 土壤为山地红壤为主, pH 在 4~6 之间, 呈酸性, 土壤深厚肥沃, 特别适宜种植油茶。枫木实验林场位于海南屯昌县枫木镇境内, 采样地海拔 150 m。因地处海南中部山区的东北部, 属“屯昌浅盆地气候”。年平均气温 23.4℃, 年平均降雨量 2 125 mm, 年平均相对湿度 85%, 土壤为砖红壤。澄迈林场位于海南岛北部, 林地地貌属于低丘陵和缓坡地区, 年平均温度 23.7℃, 年降

雨量 1 749 mm, 采样地海拔 76 m; 土壤主要是红壤, 适宜种植油茶。主要包括油茶 (*Camellia oleifera*)、葛根 (*Puerariae radix*)、山麻杆 (*Alchornea davidii*)、飞机草 (*Eupatorium odoratum*)、蒲葵 (*Livistona chinensis*)、鲫鱼胆 (*Maesa perlaris*)、桃花心木 (*Khaya senegalensis*)、黄兰 (*Michelia champaca*)、羊蹄甲 (*Bauhinia purpurea*)、山矾 (*Symplocos sumuntia*)、银柴 (*Aporosa chinensis*)、降香黄檀 (*Dalbergia odorifera*) 和檀香 (*Santalum album*) 等 13 种植物的炭疽病叶。

试剂: DNA 快速提取试剂盒 Fast DNA Kit, 美国 MPBIO 公司; 葡萄糖、2×Taq PCR Master Mix、天根生化科技(北京)公司。

仪器: Nikon 80I 显微镜, NIKON 仪器(上海)有限公司; 快速核酸提取仪, 美国 MPBIO 公司; 5145D 离心机, 德国 Eppendorf 公司; ABI 9700 PCR 仪, 美国应用生物系统公司。

1.2 方法

1.2.1 病原菌分离、纯化

病原菌分离方法参考方中达^[6]的组织分离法, 从病健交界处组织进行分离, 于马铃薯葡萄糖琼脂培养基(PDA 培养基) 纯化培养后 4℃冰箱保存备用。

1.2.2 病菌多基因分子鉴定

病原菌 DNA 的提取: 参考夏花等^[7]的试验研究。基因选择及目的片段扩增与测序参照 Weir 等^[8]的方法、反应体系及条件。对所有分离筛选获得的菌株, 选择核糖体转录间隔区(internal transcribed spacers, ITS)、3-磷酸甘油醛脱氢酶基因(glyceralde-hyde-3-phosphate dehydrogenase, GAPDH)和钙调蛋白基因(calmodulin, CAL)进行扩增与测序。相应的 PCR 扩增引物见表 1。PCR 产物委托上海铂尚生物技术有限公司测序。

表 1 本试验所用引物和退火温度

Table 1 Sequence of the primers and temperature used in this study

基因 Gene	引物序列(5'→3') Primer sequence	温度/℃ Temperature
转录间隔区 Internal transcribed spacer (ITS)	F: GGAA GTAA AAGT CGTA ACAAGG R: TCCT CCGC TTAT TGAT ATGC	52
钙调蛋白 Calmodulin (CAL)	F: GARTWCAAGGAGGCCTTCTC R: TTTTTCATCATGAGTTGGAC	50
甘油醛-3-磷酸脱氢酶 Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (GAPDH)	F: CGCGTCAACGACCCCTTCATTGA R: GGGTGGAGTCGTACTTGAGCATGT	60

菌株多基因系统发育树构建: 将测序获得的每个菌株的 3 个基因, 经过 ClustalW 软件比对且手工校正后的各个基因按照 ITS-CAL-GAPDH 的顺序分别首尾相连, 并下载 GenBank 中同时含有 ITS、CAL 和 GAPDH 3 个基因序列的炭疽属菌株及模式菌株序列, 3 个基因按照 ITS-CAL-GAPDH 的顺

序首尾相连后采用 MEGA6.0 构建所有病原菌株 3 个组合基因序列的近邻归群(neighbor-joining, NJ) 系统发育树, 朱顶红炭疽菌(*C. hippeastri*) 作为外群。

1.2.3 病原菌形态观察及致病性测定

将采用多基因分子方法鉴定出的 *Colletotrichum* spp. 菌株用打孔器在其菌落边缘切取直径 5

mm 的菌丝块,转接到新的 PDA 平板上,于 28℃、黑暗条件下培养。每处理重复 3 次。供试菌株接种于 PDA 平板上培养 10 d 后,挑取培养物在显微镜下观察分生孢子、孢子梗、附着胞形态及有无刚毛。

为了阐明其他寄主植物的炭疽病菌是否可以侵染油茶,明确海南油茶潜在侵染源,把从海南 4 个地点的 13 种不同寄主植物上分离获得的不同炭疽病菌对油茶进行致病性测定。具体做法是,油茶叶用 75%乙醇表面消毒处理,细针蘸取浓度为 15×10 倍显微镜下每视野 30~40 个炭疽病菌孢子悬浮液后刺扎油茶叶,以无菌水处理及无刺伤叶片接种作对照(CK),观察病害发生情况,并对接种后发病叶进行病原菌再分离与接种病菌进行比较。

2 结果与分析

2.1 炭疽病菌的分离与鉴定

经过对菌株的菌落、分生孢子等形态特征观察以及菌株的 ITS 基因序列在 GenBank 中 Blast 相似性搜索,确定从海南省 4 个地方采集的植物炭疽病样品中,共分离获得炭疽属真菌 135 株(其中,南圣镇 29 株、屯昌枫木林场 38 株、通什镇 20 株、澄迈林场 48 株)。对所有 135 个菌株的 ITS、CAL 和 GAPDH 3 个基因序列按顺序拼接起来后,与从 GenBank 中下载的炭疽属其他已知种每个菌株相应的 3 个基因拼接序列构建的 N-J 系统发育树(图 1),结果显示 135 株病菌共分成 5 种病原菌,分别是:*C. fructicola*(85 株),*C. siamense*(45 株),*C. gloeosporioides*(3 株),*C. camelliae*(1 株),*C. cliviae*(1 株)。

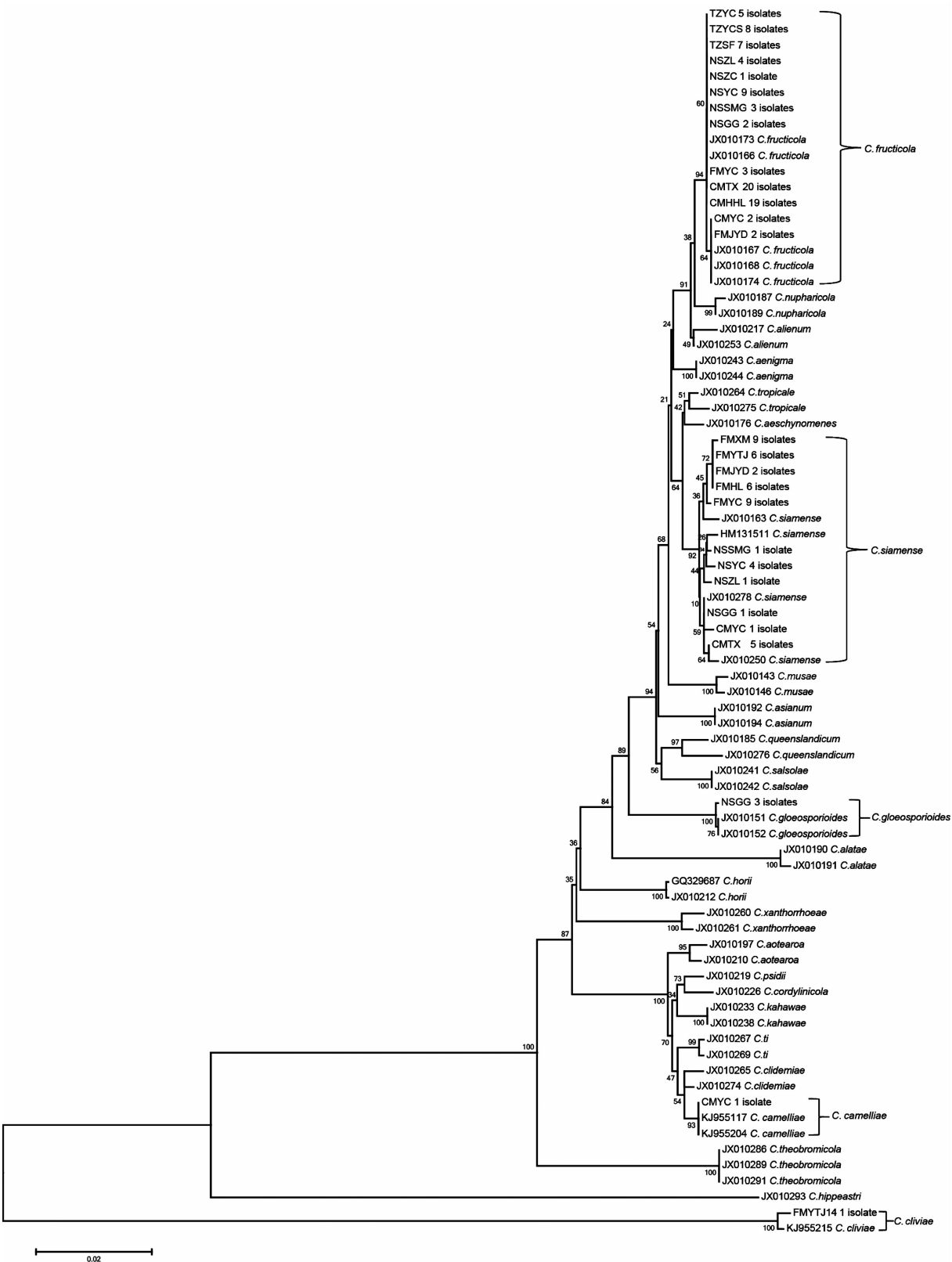
不同寄主植物上分离的菌株 *C. fructicola* 形态特征一致(图 2a~d),在 PDA 培养基上,菌落浅灰色至深灰色,圆形,规则,边缘色稍浅;背面浅褐色至深褐色。菌核、刚毛未见;分生孢子堆为浅黄色;分生孢子梗圆柱状,无色;分生孢子单胞,直,圆柱状,两端钝圆,无色,光滑;菌丝体附着胞棍棒状、褐色、边缘完整;不同寄主植物上的菌株 *C. siamense* 形态特征也一致(图 2e~h),在 PDA 培养基上,菌落浅灰色,绒毛状,边缘整齐,背面中心深褐色向外逐渐变为米汤色,菌核、刚毛未见;分生孢子梗圆柱状,分生孢子堆浅黄色,单胞,直,圆柱状,两端钝圆,无色,光滑;菌丝体附着胞浅褐色至深褐色,边缘不规则,有时形成多级次生附着胞,呈链状。这两种菌为分离炭疽病菌的主要种类,共分离获得 130 株,占总分离菌株的 96%;特别是在 4 个采样地点的油茶树上都分离到 *C. fructicola* 和 *C. siamense* 这两种菌,而以前报道

的油茶炭疽病菌——胶孢炭疽菌(*C. gloeosporioides*)未在油茶树上分离出。

胶孢炭疽菌(*C. gloeosporioides*)只在南圣镇的葛根上分离到 3 株,在 PDA 培养基上,菌落浅灰色至深灰色,绒毛状,边缘整齐,背面深褐色,未见菌核及刚毛。分生孢子堆橘红色,分生孢子直,无色,光滑,圆柱状,两端钝圆或一端钝圆另一端稍尖;菌丝体附着胞椭圆状,浅褐色,边缘光滑,能形成多级次生附着胞,呈链状(图 3a~d)。在澄迈林场的油茶树上分离到了 1 株 *C. camelliae*,在 PDA 培养基上,菌落圆形,灰白色,菌丝紧贴培养基,菌落背面初期中央为黑色、边缘浅灰色,后期黑色素大量沉积,致使整个培养皿背面变为黑色;分生孢子梗圆柱状,无色;分生孢子无色、光滑,单胞,长椭圆形或圆柱形,两端圆或一端略粗,另一端稍尖;菌丝体附着胞棍棒状,浅褐色,边缘不规则,有时形成多级次生附着胞(图 3e~h)。在枫木林场的羊蹄甲叶上分离到 1 株 *C. cliviae*,在 PDA 培养基上,菌落初期白色,后期变为灰色,绒毛状,背面深褐色至黑色稍绿;可见菌核及刚毛;分生孢子梗无色,分生孢子堆浅黄色,分生孢子单胞,直,圆柱状,光滑,无色,两端钝圆;菌丝附着胞褐色,不规则,边缘圆锯齿状(图 3i~l)。

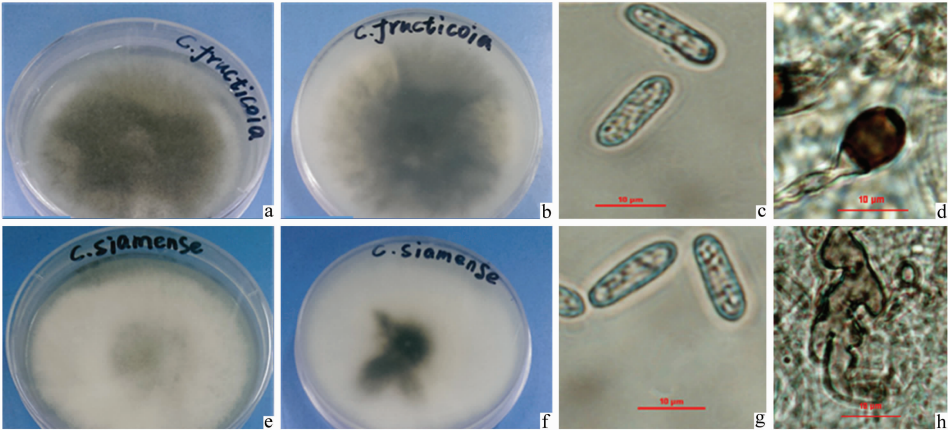
2.2 炭疽病菌种类在不同寄主植物上的分布

海南省 4 个采样地不同寄主植物上炭疽病菌种类分布见表 2。从表 2 中可以看出,4 个采样地的油茶树上都分离到 *C. fructicola*,共有 20 个菌株;除通什外,其他 3 个采样地的油茶树都分离到 *C. siamense*,共有 14 个菌株。同时,我们从每个采样地其他的寄主植物上也都分离到了 *C. fructicola* 和(或) *C. siamense*,其中南圣镇其他植物上分离到 *C. fructicola* 10 株、*C. siamense* 3 株,从枫木林场其他植物上分离到 *C. fructicola* 2 株、*C. siamense* 23 株,从通什镇其他植物上分离到 *C. fructicola* 15 株,从澄迈林场其他植物上分离到 *C. fructicola* 39 株、*C. siamense* 5 株,这说明,油茶树和其他寄主植物共享相同的炭疽属病原菌种类——*C. fructicola* 和 *C. siamense*,这提示我们,采样地中的其他植物炭疽病菌很可能是油茶树的潜在侵染源。另外,以前认为的油茶炭疽病原菌——胶孢炭疽菌(*C. gloeosporioides*)未在油茶树上分离得到;4 个采样地中,只在南圣镇的葛根叶上分离到 3 株,其他植物上均未分离到,表明胶孢炭疽菌(*C. gloeosporioides*)可能不是海南植物炭疽病的主要致病菌。



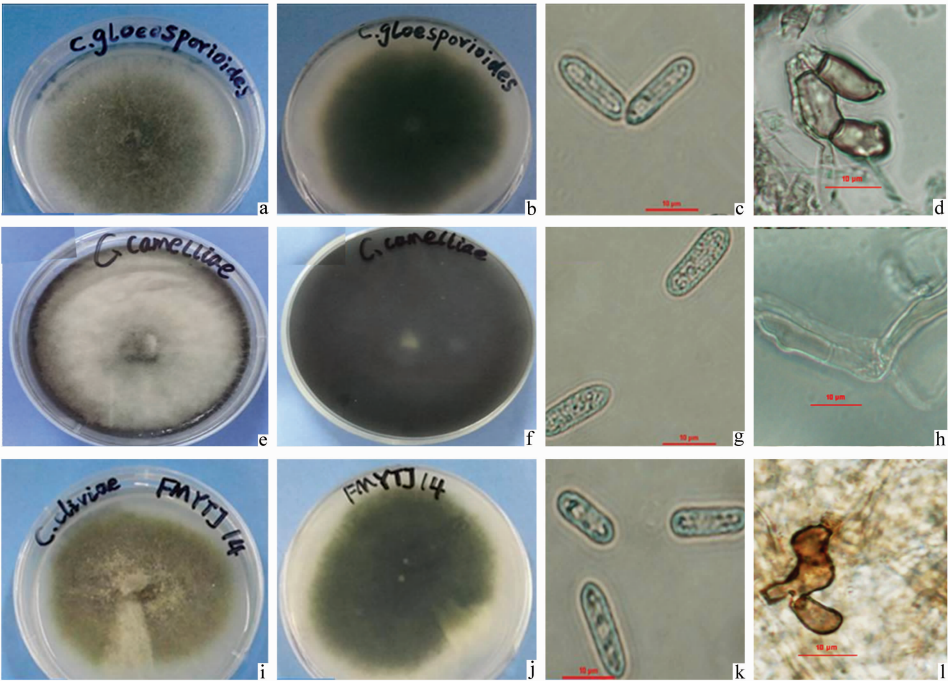
系统发育树中菌株名称前的编号为该菌株ITS序列在GenBank中的登录号
Each reference taxon is represented by the GenBank accession number of its ITS sequence, followed by the species name

图 1 依据 ITS-CAL-GAPDH 3 基因合并序列构建的不同寄主植物上炭疽病菌 N-J 系统发育树
Fig. 1 N-J phylogenetic tree of *Colletotrichum* spp. based on their ITS-CAL-GAPDH sequences



a, b, c, d分别为*C. fruticola*的菌落正面、背面及分生孢子和菌丝附着胞形态; e, f, g, h分别为*C. siamense*的菌落正面、背面及分生孢子和菌丝附着胞形态
a, b, c and d are respectively colony upper, colony reverse, spore and mycelial appressorium morphology of *C. fruticola*; e, f, g and h are respectively colony upper, colony reverse, spore and mycelial appressorium morphology of *C. siamense*

图 2 炭疽病菌 *Colletotrichum fruticola* 和 *C. siamense* 的形态特征
Fig. 2 Morphological characteristics of *Colletotrichum fruticola* and *C. siamense*



a, b, c, d为*C. gloeosporioides*菌落正面、背面以及分生孢子和菌丝附着胞形态; e, f, g, h为*C. camelliae*菌落正面、背面及分生孢子和菌丝附着胞形态; i, j, k, l为*C. cliviae*菌落正面、背面及分生孢子和菌丝附着胞形态
a, b, c and d are respectively colony upper, colony reverse, spore and mycelial appressorium morphology of *C. gloeosporioides*; e, f, g and h are respectively colony upper, colony reverse, spore and mycelial appressorium morphology of *C. camelliae*; i, j, k and l are respectively colony upper, colony reverse, spore and mycelial appressorium morphology of *C. cliviae*

图 3 炭疽病菌 *Colletotrichum gloeosporioides*, *C. camelliae*, *C. cliviae* 的形态特征
Fig. 3 Morphological characteristics of *Colletotrichum gloeosporioides*, *C. camelliae* and *C. cliviae*

2.3 不同炭疽病菌对油茶茶叶的致病性测定

将海南省南圣镇、枫木林场、通什镇和澄迈林场 4 个地方不同寄主植物上分离的炭疽病菌 *C. fruticola*, *C. siamense*, *C. gloeosporioides*, *C. camelliae*, *C. cliviae* 的孢子悬浮液, 分别刺伤接种至同一品种油茶叶

片上。接种 4 d 后叶片开始发病, 与对照相比, 接种不同采样地、不同寄主植物炭疽病菌孢子悬浮液的叶片都可以发病, 发病率为 100%, 而无刺伤叶片接种也均发病, 但发病时间较长, 发病率较低; 无菌水对照则未发病。患病叶片表现出的症状与田间自然发病症状

相似。从接种后发病的组织中再次分离出相应的病菌,菌落形态、孢子形态与接种病菌种类一致。结果表明:从不同寄主植物上(包括油茶)分离得到的 5 种炭疽病菌都能引起油茶炭疽病,这说明油茶炭疽病菌

不仅可以在同种寄主植物间传播,其他的寄主植物,如葛根、山麻杆、飞机草、蒲葵、鲫鱼胆、桃花心木、黄兰、羊蹄甲、山矾、银柴、降香黄檀和檀香等植物的炭疽病菌也能侵染油茶,是油茶的潜在侵染源。

表 2 4 个采样地不同寄主植物上炭疽病菌种类分布

Table 2 Species distribution of anthracnose pathogens in different host plants in four oil tea plantations

采样地 Sampling site	寄主植物 Host plant	菌株数/株 Number of isolates				
		<i>C. fructicola</i>	<i>C. siamense</i>	<i>C. gloeosporioides</i>	<i>C. camelliae</i>	<i>C. cliviae</i>
南圣镇	油茶 <i>Camellia oleifera</i>	9	4	0	0	0
	葛根 <i>Puerariae radix</i>	2	1	3	0	0
	山麻杆 <i>Alchornea davidii</i>	3	1	0	0	0
	飞机草 <i>Eupatorium odoratum</i>	1	0	0	0	0
	蒲葵 <i>Livistona chinensis</i>	4	1	0	0	0
枫木林场	油茶 <i>Camellia oleifera</i>	3	9	0	0	0
	鲫鱼胆 <i>Maesa perlarius</i>	2	2	0	0	0
	桃花心木 <i>Khaya senegalensis</i>	0	9	0	0	0
	黄兰 <i>Michelia champaca</i>	0	6	0	0	0
	羊蹄甲 <i>Bauhinia purpurea</i>	0	6	0	0	1
通什镇	油茶 <i>Camellia oleifera</i>	5	0	0	0	0
	山矾 <i>Symplocos sumuntia</i>	7	0	0	0	0
	银柴 <i>Aporosa chinensis</i>	8	0	0	0	0
澄迈林场	油茶 <i>Camellia oleifera</i>	2	1	0	1	0
	降香黄檀 <i>Dalbergia odorifera</i>	19	0	0	0	0
	檀香 <i>Santalum album</i>	20	5	0	0	0

3 讨论

炭疽菌(*Colletotrichum*)种级鉴定标准是以附着胞和分生孢子形态等综合特征来确定^[9-11]。但炭疽属真菌中许多种的分生孢子、附着胞都非常相似,很难以这两种特征来进行炭疽菌种的鉴定。此外,一些学者认为,仅根据形态学特征来进行炭疽菌种的鉴定与分类通常是不适当的^[11-12]。传统的病原真菌形态分类主要基于其表现型,而分子系统学则是从遗传本质上进行分类。随着分子生物学技术的进步,基于多基因分子标记的系统学方法被引入炭疽属真菌的分类研究中^[13]。Taylor 等^[14]提出了基于多基因谱系的系统学种(phylogenetic species)的概念来区别于以前的形态和生物学种。目前,形态特征结合多基因系统学鉴定炭疽菌属真菌已成为发展趋势^[8,15-18]。Crouch 等^[19]运用 ITS、*Apn2*、*Mat1*/*Apn1* 和 *Sod2* 基因进行联合分析,将形态上极难区分识别的集合种 *C. graminicola* 区分开来,恢复 *C. cereale* 和 *C. eleusinsines* 为合格种,并引入了 6 个新种;Damm 等^[20]运用 ITS、ACT、TUB2、CHS-1、HIS3 和 GPDH 等 6 个基因序列进行联合分析,准确地地区别出形态上极其相似的草本植物上分离的该

属真菌,并引入了 4 个新种。
油茶炭疽病是由炭疽属真菌引起的一种重要病害。该属的真菌地理分布和寄主范围广泛,危害高大乔木、果树、药用植物、花卉、灌木、蔬菜和大田作物等多种植物。我们通过调查发现,油茶林及附近的植被构成非常复杂,包括草本植物、木本植物;这些植物与油茶树一样容易被炭疽属真菌危害,如杉木炭疽病、杨树炭疽病、泡桐炭疽病、山茶炭疽病、芦荟炭疽病、菜豆炭疽病、辣椒炭疽病、草坪炭疽病等^[21-25]。这些植物的炭疽病是否与油茶炭疽病具有相同的病原种类以及这些寄主植物的炭疽病菌是否可以侵染油茶,成为油茶炭疽病的潜在侵染源,目前尚不清楚,这严重影响了油茶炭疽病防治。本研究从海南省 4 个不同的地方采集了油茶、葛根、山麻杆、飞机草、蒲葵、鲫鱼胆、桃花心木、黄兰、羊蹄甲、山矾、银柴、降香黄檀和檀香等 13 种植物的炭疽病叶样品,分离到 5 种共 135 株炭疽属真菌。其中油茶与其他寄主植物共享的炭疽病菌种类有两种:*C. fructicola*(85 株)和 *C. siamense*(45 株);另外,从南圣镇的葛根上分离到 3 株 *C. gloeosporioides*,从枫木林场的羊蹄甲上分离到 1 株 *C. cliviae*,从澄迈林场的油茶上分离到 1 株 *C. camelliae*。通过致病性

测定,发现从不同寄主植物上分离得到的 5 种炭疽病菌都能引起油茶炭疽病,这说明不同寄主植物的炭疽病菌都能侵染油茶,是油茶的潜在侵染源。研究结果对采取有效措施防治油茶炭疽病具有重要意义;如避免具有相同病原的树种与油茶混栽,清除林内可感染相同病原的杂草、灌木等;在防治油茶炭疽病的同时,对其他植物的炭疽病也要进行防治等。

本研究结果表明,海南油茶林中当地植物的炭疽病菌是油茶的潜在侵染源,我们需要进一步研究全国油茶炭疽病菌及潜在寄主植物种类,并从分子水平证明不同寄主植物间的炭疽病菌存在基因交流或重组(杂交),研究结果将为整体考虑油茶及其他寄主植物制定可持续控制油茶炭疽病策略提供重要的理论依据。

参考文献

- [1] 周长富,姚小华,林萍,等. 油茶种子发育过程组分含量动态研究[J]. 中国油料作物学报, 2013, 35(6): 680-685.
- [2] 郑道君,潘孝忠,谢良商,等. 海南省油茶产业发展现状调查与分析[J]. 经济林研究, 2015, 33(1): 131-135.
- [3] 李河,周国英,徐建平. 一种新油茶炭疽病原多基因序列鉴定[J]. 植物保护, 2015, 41(2): 92-96.
- [4] 李河,周国英,徐建平,等. 一种油茶新炭疽病原的多基因系统发育分析鉴定[J]. 植物保护学报, 2014, 41(5): 602-607.
- [5] 朱丹雪,周国英,徐建平,等. 果生刺盘孢菌 *Colletotrichum fructicola* 群体遗传结构研究[J]. 菌物学报, 2015, 34(3): 366-374.
- [6] 方中达. 植病研究方法[M]. 第 3 版. 北京: 中国农业出版社, 1998: 122-145.
- [7] 夏花,朱宏建,周倩,等. 湖南芷江辣椒上一种新炭疽病的病原鉴定[J]. 植物病理学报, 2012, 42(2): 120-125.
- [8] Weir B S, Johnston P R, Damm U. The *Colletotrichum gloeosporioides* species complex [J]. Studies in Mycology, 2012, 73(1): 115-180.
- [9] Sutton B C. The coelomycetes [M]. England: CM I., Kew, 1980: 523-537.
- [10] 曾大兴. 炭疽菌属几个重要种的分子系统学研究[J]. 植物病理学报, 2002, 32(4): 372-373.
- [11] Abang M M, Winter S, Green K R, et al. Molecular identification of *Colletotrichum gloeosporioides* causing yam anthracnose in Nigeria [J]. Plant Pathology, 2002, 51(1): 63-71.
- [12] Brown A E, Sreenivasaprasad S, Timmer L W. Molecular characterization of slow-growing orange and key lime anthracnose strains of *Colletotrichum* from *Citrus* as *C. acutatum* [J]. Phytopathology, 1996, 86(4): 523-527.
- [13] Sherriff C, Whelan M J, Arnold G M, et al. Ribosomal DNA sequence analysis reveals new species groupings in the genus *Colletotrichum* [J]. Experimental Mycology, 1994, 18: 121-138.
- [14] Taylor J W, Jacobson D J, Kroken S, et al. Phylogenetic species recognition and species concepts in fungi [J]. Fungal Genetics and Biology, 2000, 31: 21-32.
- [15] Peng Lijuan, Sun Tao, Yang Youlian, et al. *Colletotrichum* species on grape in Guizhou and Yunnan provinces, China [J]. Mycoscience, 2013, 54: 29-41.
- [16] Prihastuti H, Cai L, Chen H, et al. Characterization of *Colletotrichum* species associated with coffee berries in northern Thailand [J]. Fungal Diversity, 2009, 39: 89-109.
- [17] Hyde K D, Cai L, Cannon P F, et al. *Colletotrichum* names in current use [J]. Fungal Diversity, 2009, 39: 147-182.
- [18] Yang Y L, Liu Z Y, Cai L, et al. *Colletotrichum anthracnose* of Amaryllidaceae [J]. Fungal Diversity, 2009, 39: 123-146.
- [19] Crouch J A, White J F J, Clarke B B, et al. Systematic analysis of the falcate spored graminicolous *Colletotrichum* and a description of seven new species from warm season grasses [J]. Mycologia, 2009, 101: 717-732.
- [20] Damm U, Woudenberg J H C, Cannon P F, et al. *Colletotrichum* species with curved conidia from herbaceous hosts [J]. Fungal Diversity, 2009, 39: 45-87.
- [21] 陈守常,田泽君,郭隆锡. 油茶炭疽病的发生与蔓延[J]. 植物保护学报, 1965, 4(3): 207-218.
- [22] 陈守常,田泽君,陈大昌. 油茶炭疽病菌有性世代的形态特征、出现频率、致病力及其产生条件[J]. 植物病理学报, 1964(1): 45-52.
- [23] 梁子超,岑炳沾,戴品初. 油茶炭疽病菌的有性世代、越冬方式和侵入途径[J]. 植物保护学报, 1964, 3(3): 316-317.
- [24] 袁嗣令,张能唐,翁月霞,等. 油茶炭疽病的研究[J]. 植物保护学报, 1963, 2(3): 253-262.
- [25] 杨友联. 中国贵州、云南、广西炭疽菌属真菌多基因分子系统学研究[D]. 武汉: 华中农业大学, 2010.

(责任编辑: 田 喆)