

海南省温郁金炭疽病的病原鉴定

马 瑞, 徐 刚, 郑 樊, 郑妃庆, 谢昌平*

(海南大学热带农林学院, 热带作物种质资源保护与开发利用教育部重点实验室, 海口 570228)

摘要 温郁金炭疽病是一种重要的真菌性病害, 该病主要危害叶片, 初期产生水渍状的淡黄色病斑, 后逐渐扩大成圆形、椭圆形或不规则形的灰褐色病斑, 上面有黑色小点, 病斑外面环绕一层黄色晕圈, 严重时多个病斑联合造成叶片卷缩和枯死, 2016 年我们从海南省的温郁金种植基地采集炭疽病样本, 经病原菌的分离纯化、柯赫氏法则验证、病原菌的形态特征观察及多基因谱系分析方法, 确定其病原菌为郁金炭疽菌 *Colletotrichum curcumae* (Syd.) E. J. Butler & Bisby。

关键词 温郁金; 炭疽病; 郁金炭疽菌; 多基因系统发育

中图分类号: S 432. 44, S435. 67 **文献标识码:** A **DOI:** 10. 16688/j. zwbh. 2017426

Identification of the pathogen causing anthracnose on *Curcuma wenyujin* in Hainan, China

MA Rui, XU Gang, ZHENG Fan, ZHENG Feiqing, XIE Changping

(Institute of Tropical Agriculture and Forestry, Hainan University; Key Laboratory for Protection, Development and Utilization of Tropical Crop Germplasm Resources, Ministry of Education, Haikou 570228, China)

Abstract *Curcuma wenyujin* anthracnose is an important fungus disease on leaves. The symptoms began as water-soaked and canary spots, followed by becoming brown, round, elliptical or irregular lesions with lots of black dots, and then being surrounded by a clear yellow halo. These spots enlarged and overlapped, extending until the leaves withered entirely. The samples of diseased leaves with the anthracnose syndrome were collected from the *Curcuma wenyujin* Planting Base in Hainan in 2016. Through pathogen isolation and purification, pathogenicity test, morphological characteristics and multi-gene phylogeny analyses, the pathogen was finally identified as *Colletotrichum curcumae* (Syd.) E. J. Butler & Bisby.

Key words *Curcuma wenyujin*; anthracnose; *Colletotrichum curcumae*; multi-gene phylogeny

温郁金 *Curcuma wenyujin* Y. H. Chen et C. Ling 作为我国应用最广的药用植物之一, 已有 1 000 多年的种植历史, 属姜科姜黄属草本植物, 原产于浙江瑞安, 是著名的“浙八味”之一^[1]。其根茎中挥发油和姜黄素类化合物含量高, 有效成分可以预防和治疗癌症, 除此之外, 在保肝、抗氧化、抗炎症等方面也有着良好的效果^[2]。

近年来, 海南省开始引进种植温郁金, 随着栽培面积的不断扩大, 病害也日益突出, 尤其是新发现的炭疽病蔓延迅速, 其主要危害温郁金的叶片, 产生褐色的病斑, 造成叶片卷缩和枯死, 重病区发病率达到 90% 以上, 严重影响了温郁金的产量和药理品质, 造

成了巨大的经济损失, 准确鉴定病原种类对了解病害流行规律及有效控制病害发展非常重要。

目前国内外已报道的温郁金病害有白绢病^[3]、根腐病^[4]、枯萎病^[5]、叶斑病^[6]和叶枯病^[7–10], 本试验于海南省的温郁金种植基地采集炭疽病叶片, 通过对病原菌的分离纯化、形态观察、致病性测定以及多基因序列分析, 最终确定其病原菌, 以期为该病害的防治提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 材料

材料来源: 于 2016 年 9 月在海南省海口市、澄

收稿日期: 2017–11–06

修订日期: 2018–01–03

基金项目: 中央级公益性科研院所基本科研业务费专项(2016hzs1J042); 海南大学 2016 年研究生实践创新项目

* 通信作者 E-mail: xiechangping009@163. com

迈县和临高县的温郁金种植基地采集具有典型发病症状的温郁金炭疽病叶标本。

试剂:真菌总 DNA 提取试剂盒 E. Z. N. A.[®] Fungal DNA Mini Kit, 美国 OMEGA Biotek 公司; 2 × MasterMix, 北京博迈德生物技术有限公司; 2000 marker, 北京博迈德生物技术有限公司; 引物, 北京六合华大基因科技有限公司广州分公司。

仪器: BX51 研究系统显微镜, 日本奥林巴斯株式会社; G1000 基因扩增仪, 杭州博日科技有限公司; 600+电泳仪, 北京君意东方电泳设备有限公司; WD-9413B 凝胶成像分析仪, 北京市六一仪器厂。

1.2 方法

1.2.1 病原菌的分离与纯化

采用组织分离法分离病原菌^[11], 取发病典型的病叶, 在病健交界处切取大小为 5 mm × 5 mm 的组织块, 先用 75% 乙醇浸数秒后, 再用 0.1% 升汞表面消毒 1~2 min, 然后用无菌水冲洗 3 次, 将其转移到 PDA 平板上, 于 28℃ 恒温培养箱中光照培养。待菌种产孢后, 采用琼脂平板稀释纯化法^[12]进行纯化, 将纯化的菌株转入试管斜面保存。

1.2.2 柯赫氏法则验证

选取长势一致的健康温郁金植株, 用 75% 乙醇对叶片进行表面消毒后, 用无菌水冲洗干净, 用灭菌针刺伤叶片, 切取直径 5 mm 的菌饼接种在叶片伤口处, 每个叶片贴接 4 个菌饼, 并外加浸有无菌水的纸巾保湿, 再用喷湿的保鲜袋套住, 置于自然环境下培养, 以接种 PDA 培养基作为空白对照。每处理 5 次重复, 共接种 10 株。每天观察发病情况, 对发病叶片进行病原菌的重分离。

1.2.3 病原菌形态特征的观察

将直径为 5 mm 的菌饼接种到 PDA 平板中央, 置于 28℃ 恒温光照培养箱内培养。每天观察菌丝的生长情况及菌落形态, 培养 10 d 后, 挑取培养物在显微镜下观察分生孢子盘及分生孢子, 记录其形态特征并测量分生孢子大小。附着胞的诱发采用玻片萌发法^[13], 配制一定浓度(大约 1×10^4 个/mL)的孢子悬浮液, 吸取少量滴在洁净的载玻片上, 保湿皿保湿置于 28℃ 下培养, 48 h 后观察附着胞的形态特征。

1.2.4 病原菌多基因分子鉴定

在纯培养 5 d 后的病原菌菌落边缘打孔, 挑取

适量菌饼转接至 100 mL 马铃薯葡萄糖液体培养基(PD)中, 28℃ 下 180 r/min 振荡培养 5 d。将菌丝体用 3 层灭菌纱布过滤, 去除液体培养基, 并用灭菌水冲洗菌丝体 2~3 次, 采用 OMEGA 试剂盒提取病原菌的基因组 DNA。分别对病原菌的核糖体内转录间隔区(internal transcribed spacer, ITS)、肌动蛋白基因(actin, ACT)、β-微管蛋白基因(β-tubulin, TUB2)、几丁质合成酶 A 基因(chitin synthase A, CHS-1)、3-磷酸甘油醛脱氢酶基因(glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, GAPDH)和组蛋白基因(histone3, HIS3)进行 PCR 扩增。PCR 反应体系总体积为 50 μL, 包括 DNA 模板 2 μL, 正反向引物各 2 μL (10 μmol/L), 2 × MasterMix 25 μL, 以 ddH₂O 补足至 50 μL。反应程序为: 94℃ 预变性 5 min; 94℃ 变性 30 s, 各引物按相应的退火温度退火 45 s (表 1), 72℃ 延伸 1 min, 共 30 个循环; 最后 72℃ 延伸 10 min。PCR 产物经 1% 琼脂糖凝胶电泳检测, 获得与预期大小一致的核苷酸片段后, 送至北京六合华大基因科技有限公司广州分公司纯化和测序。将测序获得的 6 个基因序列提交 GenBank 数据库, 获得序列号, 并从 GenBank 数据库中下载同时含有 ITS、ACT、TUB2、CHS-1、GAPDH 和 HIS3 基因的炭疽属模式菌株及其他菌株序列作为参考序列, 将各菌株基因按照 ITS-ACT-TUB2-CHS-1-GAPDH-HIS3 的顺序首尾拼接, 用 MEGA 7.0 软件的“W”功能比对并手工校正后, 选择邻接法(neighbor-joining, NJ)构建系统发育树, 以自展法(bootstrap)进行检测, 共循环 1 000 次。

2 结果与分析

2.1 田间病害症状

温郁金炭疽病主要为害叶片, 偶见为害叶鞘。田间发病多从中下层叶片开始(图 1a), 发病初期叶片或叶鞘出现水渍状的淡黄色椭圆形病斑(图 1b, c), 随后逐渐扩大为圆形、卵圆形或不规则形, 边缘深褐色, 微具轮纹, 中心灰白色至灰褐色, 病斑外环绕黄色晕圈(图 1d, e)。病斑正面有许多轮生状黑色小点, 即病原菌的分生孢子盘(图 1f)。病斑可在叶片的任何部位发生, 严重时多个病斑联合成片, 造成叶片卷缩和枯死。

表 1 扩增温郁金炭疽病病原菌不同序列所用的引物

Table 1 Primers used in this study

基因 Gene	退火温度/℃ Annealing temperature	引物 Primer name	引物序列(5'-3') Primer sequence
ITS	55	ITS1	TCCGTAGGTGAACCTGCGG
		ITS4	TCCTCCGCTTATTGATATGC
ACT	58	ACT-512F	ATGTGCAAGGCCGTTTTCGC
		ACT-783R	TACGAGTCCTTCTGGCCCAT
TUB2	59	T1	AACATGCGTGAGATTGTAAGT
		βt2b	ACCCTCAGTGTAGTGACCCTTGGC
CHS-1	59	CHS-79F	TGGGGCAAGGATGCTTGGAAGAAG
		CHS-354R	TGGAAGAACCATCTGTGAGAGTTG
GAPDH	59	GDF	GCCGTCAACGACCCCTTCATTGA
		GDR	GGGTGGAGTCGTACTTGAGCATGT
HIS3	55	CYLH3F	AGGTCCACTGGTGGAAG
		CYLH3R	AGCTGGATGTCCTTGGA



图 1 温郁金炭疽病的田间症状和人工接种的症状

Fig. 1 Symptoms of *Curcuma wenyujin* anthracnose in the field and after artificial inoculation

2.2 病原菌的分离

从海南省海口市、澄迈县和临高县的温郁金种植基地采集具有典型发病症状的温郁金叶片 20 片，

通过病原菌的分离共得到 6 个显微形态一致的疑似病原菌，将菌株分别进行编号并用于后续试验。

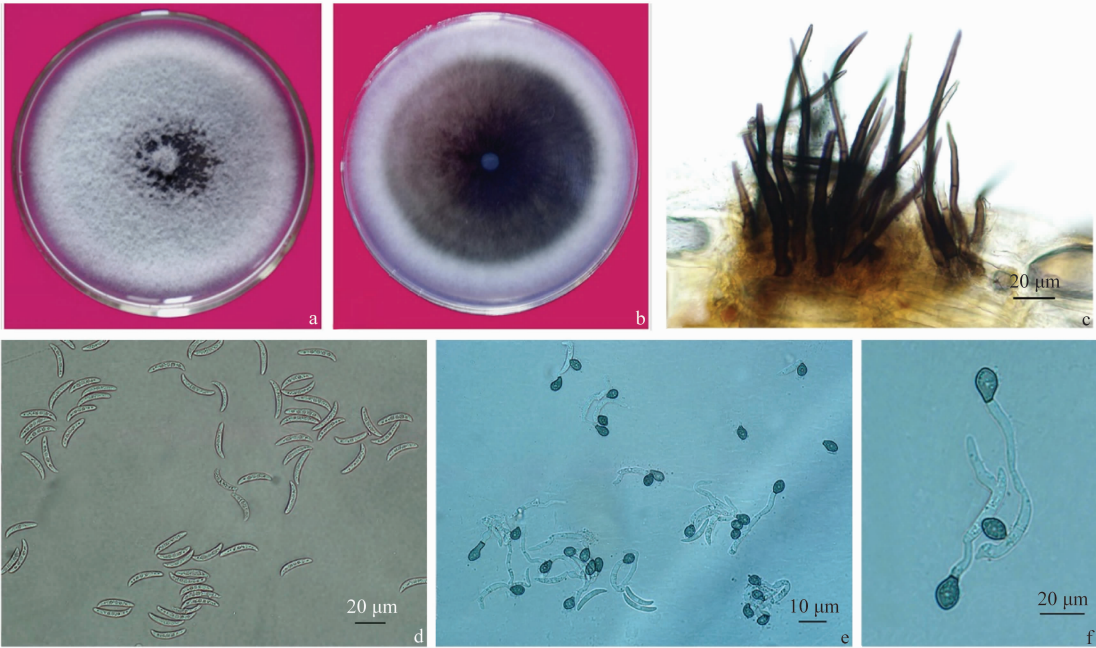
2.3 柯赫氏法则验证

将分离得到的 6 个菌株分别接种到健康的叶片上,7 d 后针刺法接种的植株都出现了与田间自然发病一致的症状:叶片上病斑呈黄色水渍状,渐变成近圆形,边缘暗褐色,有明显的黄色晕圈,后期病斑中心呈灰白色,内轮生许多小黑点(图 1g,h)。对这些病斑组织再次进行病原菌分离,获得与原接种菌株形态特征一致的菌落和分生孢子,符合柯赫氏法则;而对照组植株均未发病(图 1i),也未分离到病原菌。由此确定,分离得到的菌株是引起温郁金炭疽病的病原菌。

2.4 病原菌的形态特征

病原菌在 PDA 培养基上形成圆形、平坦、边缘整齐的菌落,菌落初期为白色,气生菌丝绒毛状,2 d

后可见菌落底部墨绿色小点(分生孢子盘),之后菌落逐渐由白色变为深橄榄绿色,15 d 后菌落表面产生淡黄色至浅橙色的分生孢子堆(图 2 a, b)。载孢体盘状,多聚生,黑色,顶端不规则开裂。刚毛散生于载孢体上,数量较多,暗褐色,顶端较尖,色淡,具有 2~4 个隔膜,基部平齐。分生孢子新月形,基部微钝,顶端稍尖,无色,单胞,内部含有 1 个油球,大小为 $(21.6\sim28.8)\mu\text{m}\times(3.0\sim5.7)\mu\text{m}$ (图 2c,d)。附着胞棒形或椭圆形,全缘褐色,极少数为不规则形,大小为 $(6.68\sim18.87)\mu\text{m}\times(4.95\sim9.05)\mu\text{m}$ (图 2e,f)。病原菌形态特征与郁金炭疽菌 *Colletotrichum curcumae* (Syd.) E. J. Butler & Bisby 形态特征基本一致^[14-15]。



a: 菌落正面; b: 菌落背面; c: 分生孢子盘及刚毛; d: 分生孢子; e: 附着胞; f: 附着胞放大
a: Front of colony; b: Reverse of colony; c: Acervulus with chaetae; d: Conidia; e: Appressorium; f: Amplification of appressorium

图 2 病原菌菌落、分生孢子及附着胞形态特征

Fig. 2 Morphology of the colony, conidium and appressorium of the pathogen

2.5 病原菌多基因系统发育分析

由于分离获得的 6 个菌株在 PDA 培养基上的培养性状和形态特征一致,因此,选取菌株 TJ0709 作为代表菌株进行分子鉴定。对病原菌 TJ0709 的 *ITS*、*ACT*、*TUB2*、*CHS-1*、*GAPDH* 和 *HIS3* 基因进行扩增,分别得到 542、265、740、275、290 和 380 bp 的片段(图 3)。序列克隆测序后,与参考基因进行比对,系统发育树显示,病原菌 TJ0709 与郁金炭疽菌 *C. curcumae* 模式菌株(IMI 288937)聚为一个进化枝,并且支持率为 100%(图 4)。结合病原菌形

态特征和多基因系统发育树,鉴定温郁金炭疽病病原菌为郁金炭疽菌 *C. curcumae*。

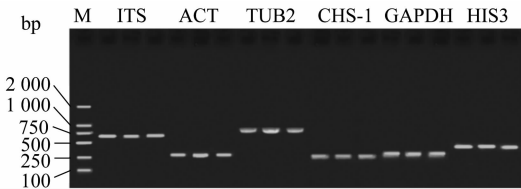


图 3 病原菌 TJ0709 菌株的 PCR 产物

Fig. 3 PCR products of the pathogen TJ0709 with six primer pairs

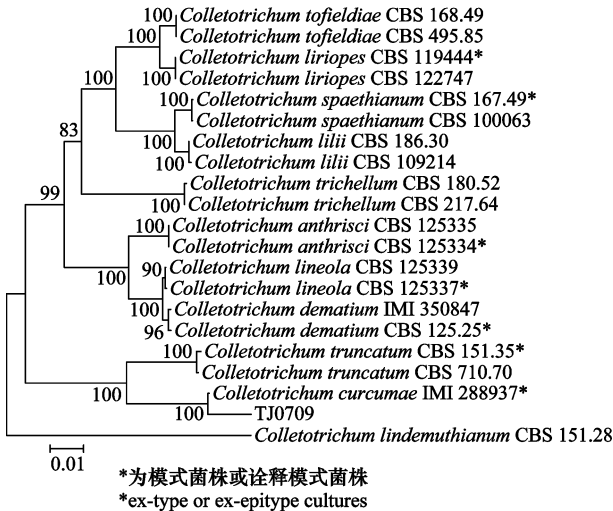


图 4 基于 ITS、ACT、Tub2、CHS-1、GAPDH 和 HIS3 基因合并序列构建的温郁金炭疽病菌系统发育树

Fig. 4 Phylogenetic tree of *Curcuma wenyujin* anthracnose pathogen based on concatenated sequences of ITS, ACT, Tub2, CHS-1, GAPDH and HIS3 genes

3 讨论

本研究通过对采自海南省海口市、澄迈县和临高县的温郁金炭疽病叶片进行病原菌的分离纯化,将分离菌株进行室外活体接种可使温郁金发病,回接病叶再分离,可得到与原分离菌形态特征一致的菌株,经柯赫氏法则验证分离菌株即为温郁金炭疽病的病原菌。通过对病原菌的形态观察,发现其与郁金炭疽菌 *Colletotrichum curcumae* (Syd.) E. J. Butler & Bisby 形态特征基本一致,对病原菌的 ITS、ACT、TUB2、CHS-1、GAPDH 和 HIS3 基因进行联合分析,系统发育树结果显示,病原菌与郁金炭疽菌 *C. curcumae* 模式菌株 (IMI 288937) 聚为一个进化枝,并且支持率为 100%,其他分支中,同种菌株间也以非常高的支持率聚在一起,结合形态学特征和多基因系统分析结果鉴定温郁金炭疽病的病原菌为郁金炭疽菌 *C. curcumae*,与 Li 等^[6]报道的广西温郁金叶斑病的病原一致,两种病害症状相同,但鉴于病原菌为炭疽属真菌,笔者认为将该病害称为温郁金炭疽病更为合适。郁金炭疽菌 *C. curcumae* 是一种比较特殊的炭疽菌,目前国内外对其报道较少,Palarpawar 和 Ghurde 曾报道过其寄主有姜黄、尾桴草、百慕大、芋和茄属植物^[16],Damm 等运用 ITS、ACT、TUB2、CHS-1、GAPDH 和 HIS3 基因进行联合分析,对形态上极难区分的草本植物上分离的炭疽菌属真菌区分开来,并将郁金炭疽菌 *C. curcumae* 归

类为平头炭疽菌复合种^[15]。由郁金炭疽菌 *C. curcumae* 引起温郁金炭疽病在海南尚属首次发现。

温郁金的主要叶部病害还有叶枯病,该病害与温郁金炭疽病的不同在于发病位置主要集中在叶尖和叶缘,初期叶尖最先变黄,形成黄褐色的不规则病斑,随后逐渐扩大并沿主叶脉向上蔓延,导致叶片枯萎下垂,病斑上不会出现黑色小点。Qian 等^[10]报道了浙江省温郁金叶枯病的病原菌为拟康宁木霉 *Trichoderma koningiopsis*,Chen 等^[7]对海南省温郁金叶枯病进行了病原鉴定,认为其病原菌为弯孢霉 *Curvularia clavata*,并研究了其生物学特性及室内药剂筛选。近几年海南省温郁金叶枯病的发病率已经降低了很多,而温郁金新病害炭疽病有逐渐加重的趋势,并且已成为制约海南省温郁金生产发展的重要因素,常成片发病,重病区发病率达到 90% 以上,造成了巨大的经济损失。据调查,温郁金炭疽病在夏季雨季过后发病最为严重,说明高温高湿的条件有利于病害的传播。因此,在海南夏秋多雨季节,应避免温郁金种植基地通风不良、密植或浇水过多的情况发生,除此之外,农事操作中,要注意尽量避免伤口,防止病菌的侵入,开展针对温郁金炭疽病的抗病品种选育和无病种苗繁育工作,改进栽培措施,筛选高效防治药剂,从而有效控制温郁金炭疽病的发生和蔓延。

参考文献

[1] 方露敏,黄真. 温郁金的研究进展[J]. 中华中医药学刊, 2008, 26(9):1998-2000.

[2] 尹国平,张清哲,安月伟,等. 温郁金化学成分及药理活性研究进展[J]. 中国中药杂志, 2012, 37(22): 3354-3360.

[3] MA Rui, LI Guangming, XIE Changping, et al. First report of southern blight on *Curcuma wenyujin* caused by *Sclerotium rolfsii* in China [J]. Plant Disease, 2017, 101(4):633.

[4] 陈旭玉,钟锦玲,黄嫫,等. 温郁金根腐病生物药剂的筛选[J]. 安徽农业科学, 2016, 44(2): 192-193.

[5] 方丽,王连平,王汉荣. 一种为害温郁金的新病害温郁金枯萎病[J]. 浙江农业科学, 2016, 57(7): 985-986.

[6] LI Qili, MO Jianyou, GUO Tangxun, et al. First report of leaf spot of *Curcuma wenyujin* caused by *Colletotrichum curcumae* in China [J]. Plant Disease, 2016, 100(2): 521.

[7] CHEN Xuyu, FENG Jindong, SU Zhi, et al. First report of curvularia leaf blight on *Curcuma wenyujin* caused by *Curvularia clavata* in China [J]. Plant Disease, 2013, 97(1): 138.

[8] 陈旭玉,魏建和,黄嫫,等. 温郁金弯孢霉叶枯病病原菌(*Curvularia clavata*)生物学特性研究[J]. 西南农业学报, 2014, 27(4): 1536-1538.

[9] 黄嫫,陈旭玉. 温郁金弯孢霉叶枯病病原菌的药剂筛选[J]. 安徽农业科学, 2014, 42(8): 2345-2346.

[10] QIAN Y S, CAI S, HUO Y N, et al. First report of leaf blight

disease of *Curcuma wenyujin* caused by *Trichoderma koningloopsis* in China [J]. Journal of Plant Pathology, 2013, 95 (4): 77.

- [11] 孙广宇, 宗兆锋. 植物病理学实验技术[M]. 北京: 中国农业出版社, 2002: 142-144.
- [12] 谢昌平, 李博勋, 文衍堂, 等. 龙血树根腐病原菌的鉴定[J]. 植物保护, 2015, 41(1): 129-132.
- [13] 方中达. 植病研究方法[M]. 第3版. 北京: 中国农业出版社, 1998: 152.
- [14] BUTLER E J, BISBY G R. The fungi of India [M]. Calcutta: Government of India Central Publication Branch, 1931: 153.

- [15] DAMM U, WOUDEBERG J H C, CANNON P F, et al. *Colletotrichum* species with curved conidia from herbaceous hosts [J]. Fungal Diversity, 2009, 39: 45-87.
- [16] PALARPAWAR M Y, GHURDE V R. Some new hosts of *Colletotrichum curcumae* [J]. Indian Journal of Mycology and Plant Pathology, 1988, 18: 220-221.
- [17] CANNON P F, DAMM U, JOHNSTON P R, et al. *Colletotrichum*-current status and future directions [J]. Studies in Mycology, 2012, 73: 181-213.

(责任编辑: 田 喆)

(上接 73 页)

- [10] 林春花, 董琰, 刘文波, 等. 多基因序列比较分析海南橡胶树炭疽病菌遗传种群[J]. 热带作物学报, 2016, 37(5): 943-951.
- [11] TAMURA K, STECHER G, PETERSON D, et al. MEGA6: molecular evolutionary genetics analysis version 6.0 [J]. Molecular Biology and Evolution, 2013, 30(12): 2725-2729.
- [12] LIBRADO P, ROZAS J. DnaSP v5: a software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data [J]. Bioinformatics, 2009, 25: 1451-1452.
- [13] CLEMENT M, POSADA D, CRANDALL K A. TCS: a computer program to estimate gene genealogies [J]. Molecular Ecology, 2000, 9: 1657-1660.
- [14] EXCOFFIER L, LISCHER H E. Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows [J]. Molecular Ecology Resources,

2010, 10: 564-567.

- [15] 李河, 朱丹雪, 徐建平, 等. 引起油茶炭疽病胶孢炭疽菌种群遗传结构研究[J]. 植物病理学报, 2014, 44(6): 620-628.
- [16] 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.
- [17] 李河, 李杨, 徐建平, 等. 海南省油茶及其他寄主植物果生刺盘孢菌群体遗传结构分析[J]. 林业科学, 2016, 52(10): 80-88.
- [18] 蒋仕强, 李杨, 周国英, 等. 海南4个地区暹罗炭疽菌群体遗传结构分析[J]. 热带作物学报, 2016, 37(11): 2204-2209.
- [19] PRIHASTUTI Z Y, SHIVAS R G, MCKENZIE E H C, et al. A polyphasic approach for studying *Colletotrichum* [J]. Fungal Diversity, 2009, 39: 183-204.

(责任编辑: 田 喆)

沉痛悼念吴钜文先生

北京市农林科学院植物保护环境保护研究所研究员吴钜文先生于2018年5月29日因病在北京逝世,享年77岁。吴钜文先生出生于1940年8月19日,中共党员。1963年毕业于北京林学院(现名北京林业大学)林学系森林保护专业,在浙江省林业科学研究所工作。1979年调入北京市农林科学院植保环保所,2001年退休。曾任北京市农林科学院植物保护环境保护研究所室主任、副所长、所学术委员会主任、院学术委员会委员、院职称评审委员会委员。曾兼任北京市农业技术推广奖评委,中国植物保护学会常务理事,中国昆虫学会理事,北京昆虫学会常务理事、秘书长,中国林学会森林昆虫分会常务理事,《植物保护学报》《植物保护》《中国生物防治学报》编委,国家自然科学基金同行评议专家。退休后任中国农业科学院客座研究员。吴钜文先生长期从事森林昆虫、农业昆虫及其生物防治研究。曾主持科技部/农业部“七五”、“八五”、“九五”国家科技攻关项目专题、子专题,北京市科委重点科研项目及中试基地项目,北京市科委/农委推广项目,北京市自然科学基金重点项目,取得科研成果及获奖十余项,发表论文及译文40余篇。参加撰写的《中国农业百科全书·林业卷》获全国优秀科技图书一等奖,《中国蔬菜病虫原色图谱》获北方十省市优秀科技图书一等奖。1993年荣获国务院政府特殊津贴。曾被北京市科协评为“最佳秘书长”,1997年荣获中国科学发展基金、中国昆虫学会奖励基金首届学会工作奖一等奖。

吴钜文先生长期担任《植物保护》编委、栏目复审专家,为《植物保护》做了大量认真、细致、严谨的稿件复审工作,对本刊学术质量的提高做出了突出贡献。他还常对编辑部的工作给予指导和点拨,指出存在的问题和不足,指明努力的方向。对于编辑部工作人员也关怀备至,犹如家人。他的离去使我们痛失一位德高望重、学识渊博、学风严谨、为人正直、热心助人、无私奉献、令人尊敬的前辈、老师、慈父,使我们深感悲痛!我们将深切缅怀吴钜文先生,牢记先生的教诲,学习他严谨求实的工作态度,踏实工作,继续努力办好《植物保护》。

吴钜文先生,我们永远怀念您!

《植物保护》编辑部
2018年6月5日