

杉木梢枯病相关的链格孢属一新种

何姣¹ 李宁¹ 黄金华² 任剑灵² 郭莹³ 张秋月¹ 李德伟⁴ 黄麟^{1*}

(1. 南京林业大学, 南方现代林业协同创新中心, 江苏南京 210037; 2. 福建省洋口国有林场, 福建南平 353299; 3. 青海省果洛州班玛县自然资源和林业草原局莲花林场, 青海班玛 814300; 4. 美国康涅狄格州农业实验站, 康涅狄格温莎 06095)

摘要: 杉木 *Cunninghamia lanceolata* (Lamb.) Hook. 作为中国广泛栽培的重要速生用材树种, 具有重要的经济、生态和社会价值。梢枯病是一种危害杉木幼苗嫩梢的真菌病害, 可导致嫩梢枯萎, 严重影响苗木生长。本研究在福建省南平市展开调查, 采集典型的杉木梢枯病样本, 采用组织分离和单孢纯化的方法获得潜在病原菌株, 通过柯赫氏法则、形态学及多基因系统发育分析进行鉴定。最终, 新获得的4株杉木梢枯病菌被鉴定为链格孢属的1个新种, 命名为南平链格孢 *Alternaria nanpingensis*。该新种具有较长的分生孢子链, 通常由7~15个分生孢子组成, 其数量显著多于以下近缘种: 东善桥链格孢 *A. dongshanqiaoensis* (5~9个)、瓜叶菊链格孢 *A. cinerariae* (2~9个)、柑橘链格孢 *A. citri* (3~6个) 及信阳链格孢 *A. xinyangensis* (2~7个)。研究结果丰富了杉木梢枯病菌的种类, 可为后续的分类研究和病害防控提供理论依据。

关键词: 子囊菌; 格孢菌目; 杉木; 梢枯病; 分子系统学; 鉴定; 链格孢属

中图分类号: S763.19 文献标识码: A 文章编号: 2097-5279(2025)04-0030-12

A novel species of *Alternaria* associated with Chinese fir shoot blight

HE Jiao¹ LI Ning¹ HUANG Jinhua² REN Jianling² GUO Ying³ ZHANG Qiuyue¹ LI Dewei⁴ HUANG Lin^{1*}

(1. Co-Innovation Center for Sustainable Forestry in Southern China, Nanjing Forestry University, Nanjing 210037, China; 2. Fujian Yangkou State-Owned Forest Farm, Nanping 353299, China; 3. Lianhua Forest Farm, Baima County Natural Resources, Forestry and Grassland Bureau, Golog Tibetan Autonomous Prefecture, Bama 814300, China; 4. The Connecticut Agricultural Experiment Station Valley Laboratory, Windsor 06095, USA)

Abstract: Chinese fir (*Cunninghamia lanceolata*) is an important fast-growing timber species widely cultivated in China, possessing significant ecological and economic value. Shoot blight is a fungal disease that affects the young shoots of seedlings, causing shoot dieback and severely hindering the growth of Chinese fir saplings. During surveys conducted at Nanping City, Fujian Province, China, typical shoot blight samples were collected, and potential pathogenic strains were obtained through tissue isolation and single-spore purification. Identification was performed using Koch's postulates, morphological characterization, and multi-gene phylogenetic analysis. The study confirmed that four newly obtained pathogenic strains belong to a novel species of *Alternaria*, named *Alternaria nanpingensis*. The novel species produces longer conidial chains, typically composed of 7~15 conidia, which are significantly more numerous than those of its related species: *A. dongshanqiaoensis* (5~9 conidia), *A. cinerariae* (2~9 conidia), *A. citri* (3~6 conidia), and *A. xinyangensis* (2~7 conidia). These findings expand the known diversity of pathogens causing shoot blight in Chinese fir and provide a theoretical foundation for future taxonomic research and disease control.

Keywords: Ascomycota; Pleosporales; *Cunninghamia lanceolata* (Lamb.) Hook.; shoot blight; molecular phylogeny; identification; *Alternaria*

杉木 *Cunninghamia lanceolata* (Lamb.) Hook. 是我国重要的速生用材针叶树种, 广泛分布于长江流域及秦岭以南地区, 因其具有速生丰产、材质优良和经济价值高等特性而备受关注, 在我国已有3000余年的栽培历史(严洪, 2020)。第九次全国森林资源清查

显示, 全国杉木人工林面积达到约986.67万 hm^2 , 蓄积量达7.55亿 m^3 , 分别占全国人工乔木林总面积和总蓄积量的1/4和1/3, 均排名第一。据相关报道, 杉木森林碳储量为63.69 Tg, 占全国森林碳储量的1.71% (Jiang et al., 2022; 王效科等, 2001)。由此可见, 杉木

收稿日期: 2025-07-31; 修回日期: 2025-09-17。

基金项目: 国家重点研发计划项目(2023YFD1401304); 江苏林业科技创新与推广项目(LYKJ[2025]02); 江苏省研究生科研与实践创新计划项目(KYCX23_1225)。

* 通信作者: 黄麟(E-mail: lhuang@njfu.edu.cn), 教授。

在森林固碳增汇、林农增收、乡村振兴及生态文明建设中占有重要地位(严洪, 2020)。

随着杉木种植面积的不断扩大,其病虫害种类也随之增多,危害日益严重(蓝肖等, 2015)。常见的杉木真菌性病害主要包括杉木炭疽病(He et al., 2022)、杉木叶枯病(Cui et al., 2020)、杉木赤枯病(蓝肖等, 2015)、杉木溃疡病(黄天章和程瑞英, 1986)、杉木根腐病(蓝肖等, 2015)、杉木顶枯病(Liao et al., 2023)及杉木梢枯病(Huang et al., 2018; 王军等, 1995; 韦春义, 2012; Zhang et al., 2024)等。其中,杉木梢枯病是杉木苗圃中常见且重要的真菌病害, Huang 等(2018)田间试验结果显示,杉木幼苗病株率高达82%,该病主要危害杉木嫩梢,引起梢头枯死和多头现象,严重阻碍苗木生长,延缓造林周期。现有研究报道的病原包括甘蔗平脐蠕孢 *Bipolaris sacchari* (E.J. Butler) Shoemaker、稻平脐蠕孢 *B. oryzae* (Breda de Haan) Shoemaker 以及福建平脐蠕孢 *B. fujianensis* Q. H. Zhang, X. T. Wang & Q. Q. Wang (Huang et al., 2018; 王军等, 1995; 韦春义, 2012; Zhang et al., 2024)。

链格孢属 *Alternaria* 隶属于子囊菌门 Ascomycota、格孢菌目 Pleosporales、格孢腔菌科 Pleosporaceae (Seifert et al., 2011), 由 Nees (1816) 以细链格孢 *A. tenuis* 为模式种建立, 现包含 400 余种 (He et al., 2024; Hyde, 2024)。该属真菌大多数为植物病原菌、内生菌或腐生菌 (Fisher and Petrini, 1992; Schulz et al., 1993; Thomma, 2003), 能够侵染 4 000 余种植物, 常造成重大经济损失 (Li et al., 2023; Wijayawardene, 2020)。关于链格孢属的分类学研究, 特别是小孢子类群的分类鉴定仍存在挑战。截至 2025 年 7 月份, MycoBank 数据库 (<https://www.mycobank.org/>) 已收录该属约 927 个分类单元名称 (包括种、变种和变型)。多数已有链格孢物种依据形态学特征划分, 但由于分生孢子的颜色、大小、形状及产孢结构等特征存在广泛重叠 (Simmons, 1992; Simmons, 2007), 并且培养条件 (如寄主、温度或基质等) 也会导致物种形态特征发生变异等问题 (Simmons and Roberts, 1993), 使得仅基于形态的链格孢鉴定结果可靠性严重不足。目前, 链格孢属的分类鉴定主要依赖形态特征并结合基于 *ITS-SSU-LSU-GAPDH-RPB2-Alt a 1-endoPG-OPA10-2* 的多基因序列分析 (Lawrence et al., 2013; Woudenberg et al., 2015)。

目前, 国内外尚无链格孢引起杉木梢枯病的报道。2024 年 4 月, 本研究在福建省南平市采集杉木梢枯病样本, 基于分生孢子形态初步鉴定其病原与链格孢属相关, 旨在明确杉木梢枯病的病原种类, 通

过多基因系统发育分析和形态学特征对其进行分类鉴定。

1 材料与方法

1.1 病样采集、菌株分离纯化及保存

2024 年 4 月, 在福建省南平市 (26°49'18"N, 117°53'30"E) 采集到具有枯梢病症状的杉木幼苗, 观察梢枯病症状并拍照记录。采用组织分离法对杉木梢枯病样本进行菌株分离。先用无菌水冲洗感病针叶, 随后晾干, 再用灭菌的剪刀将病健交界处剪成 0.5 cm×0.5 cm 的小块。在超净工作台上, 用 75% 乙醇表面消毒 30 s, 然后用 1% 次氯酸钠 (NaClO) 处理 90 s, 最后用无菌水冲洗 3 次, 每次 30 s, 并用无菌滤纸吸干组织块表面的水分。将处理后的组织块放入 PDA 培养基中, 每个平板均匀放置 4 个组织块, 用封口膜密封, 放置在 25℃ 培养箱中避光培养。待组织块周边长出菌丝后, 在体视显微镜下挑取菌丝尖端移至新 PDA 平板获得纯菌落。针对已产生子实体的样本, 采用单孢分离法。用无菌针头挑取分生孢子链, 溶于适量无菌水中, 涂布至 PDA 平板, 待平板上形成肉眼可见的单个菌落后, 将其转移到新 PDA 平板以获得纯菌落。最后将所有纯菌株保存在南京林业大学森林病理实验室 -20℃ 冷库。本研究描述的新种模式菌株保藏在中国林业菌种保藏管理中心 (China Forestry Culture Collection Center, CFCC, <https://cfcc.caf.ac.cn/>)。

1.2 致病性测定

使用分生孢子悬浮液对杉木 1 a 生健康离体叶片进行有伤接种。用移液枪吸取 1 mL 无菌水至已产孢的培养基上, 将水与孢子堆混匀, 吸至 2 mL 离心管中, 多次重复该操作, 充分摇匀离心管获得分生孢子悬浮液。在光学显微镜下, 使用血球计数板计数法将孢子悬浮液的浓度调配成 1×10^6 个/mL。收集 1 a 生杉木植株的离体叶片, 用 75% 乙醇进行表面消毒, 随后用无菌水清洗 3 次, 晾干或用无菌滤纸吸干表面水分。用移液枪吸取 10 μ L 孢子悬浮液, 置于 0.2 mL 无菌 PCR 管底部, 将杉木叶片插入离心管内, 使叶片基部浸没在分生孢子悬浮液中, 等量的双蒸馏水处理作为对照。接着将叶片置于塑料托盘 (40 cm×25 cm) 中, 用保鲜膜覆盖, 使相对湿度保持在 90% 以上, 在 25℃ 的黑暗环境中培养。每个处理设 8 个重复, 试验重复 3 次。

使用菌丝块对活体梢头进行无创接种。选用福建洋口林场提供的 3~4 月龄健康杉木幼苗, 用 75% 乙醇进行表面消毒。将纯化后的菌株在 PDA 培养基

上,于25℃条件下培养5 d后,从菌落边缘切取菌丝块(直径6 mm),放置在消毒后的杉木新梢顶端,另取同样大小的空白PDA培养基作为对照,放置在杉木新梢顶端。接种后,在28℃条件下,以12 h光照/12 h黑暗的周期进行培养。每个处理设3个重复,试验重复3次。

依据柯赫氏法则,从离体叶片与杉木幼苗发病部位重新分离菌株,鉴定该菌株在形态学与分子生物学上是否与原接种菌株一致。

1.3 形态学研究

用打孔器在培养5 d后的菌落边缘打孔,获得直径6 mm、生长状态相近的菌饼。将菌饼接种到直径70 mm的PDA板中心,随后用封口膜密封,置于25℃恒温箱中培养。第5天测量菌落直径,计算菌丝生长速率(mm/d),同时记录菌落颜色、大小、密度和产孢情况。利用蔡司立体显微镜(SteRo Discovery v. 20)观察并记录分生孢子链的形态和大小。使用德国蔡司公司的Axio Imager A2m显微镜,结合微分干涉相差(Differential Interference Contrast, DIC)光学技术,观察分生孢子梗和分生孢子的形态、颜色及大小。除非生成的结构数量不足,否则每个结构均使用卡尔蔡司(Carl Zeiss)的Axio Vision软件测量不少于30个,

以确定其大小。

1.4 分子系统学分析

采用CTAB法(cetyltrimethylammonium bromide)提取菌株的DNA(Damm et al., 2008),利用引物对GDF/GDR(Berbee et al., 1999), LR5/LR0R(Crous et al., 2009), ITS1/ITS4(White et al., 1990), NS1/NS4(White et al. 1990), RPB2-5f2/RPB2-7cr(Liu et al., 1999), Alt-al-for/Alt-al-rev(Hong et al., 2005), PG3/PG2b(Andrew et al., 2009)和 OPA10-2R/OPA10-2L(Andrew et al., 2009)分别扩增甘油醛-3-磷酸脱氢酶基因(Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, *GAPDH*)、28S核糖体DNA(The 28S nrDNA, *LSU*)、内转录间隔区序列(Internal transcribed spacer regions of the rDNA and 5.8S region, *ITS*)、18S核糖体DNA(The 18S nrDNA, *SSU*)、RNA聚合酶第二大亚基(RNA polymerase second largest subunit, *RPB2*)、链格孢属主要变应原基因(*Alternaria* major allergen gene, *Alt a 1*)、内聚半乳糖醛酸酶基因(Endopolygalacturonase, *endoPG*)和匿名基因区域(An anonymous gene region, *OPA10-2*)基因片段(引物序列见表1)。PCR程序设定参考He等(2024),扩增产物经1%琼脂糖凝胶电泳检测后,送至上海杰李生物技术有限公司进行测序。

表1 用于PCR扩增的引物和DNA序列

Tab. 1 Primers used for PCR amplification and DNA sequences

基因/片段 Genes/Regions	引物对 Primer	引物对序列 (5'-3') Primer sequences ¹
<i>GAPDH</i>	GDF-1	GCCGTCACGACCCCTTCATTGA
	GDR-1	GGGTGGAGTCGTACTTGAGCATGT
<i>LSU</i>	LR5	TCCTGAGGAACTYCG
	LR0R	ACCCGCTGAACTYAAGC
<i>ITS</i>	ITS1	TCCGTAGGTGAACCTGCGG
	ITS4	TCCTCCGCTTATTGATATGC
<i>SSU</i>	NS1	GTAGTCATATGCTTGCTC
	NS4	CTTCCGTCAATTCCTTTAAG
<i>RPB2</i>	5f2	GGGGTGATCAGAAGAAGGC
	7cr	CCCATGGCTTGTTCGCCAT
<i>Alt a 1</i>	Alt-al-for	ATGCAGTTCACCACCATCGC
	Alt-al-rev	ACGAGGGTGAYGTAGGCGTC
<i>endoPG</i>	PG3	TACCATGGTTCTTCCGA
	PG2b	GAGAATTCRCARTCRCTYTRIT
<i>OPA10-2</i>	OPA 10-2R	GATTTCGAGCAGGGAACTA
	OPA 10-2L	TCGCAGTAAGACACA TTCTACG

注: ¹Y=C或T; H=A, G或T; R=A或G。

Notes: ¹Y=C or T; H=A, G or T; R=A or G.

本研究从获得的菌株序列及参考序列(表2)中,选取链格孢属 *Alternaria alternantherae* Holcomb & Antonop. CBS 124 392 作为外群。使用MAFFT v. 7 对序

列进行比对(Katoh and Standley, 2013),利用PhyloSuite软件(Zhang et al., 2020)将各菌株序列以 *ITS-SSU-LSU-GAPDH-RPB2-Alt a 1-endoPG-OPA10-2* 顺序拼接后,通

表2 分子系统学研究中使用的菌株及序列号

Tab. 2 Isolates and GenBank accession numbers used in the molecular phylogenetic analyses

物种名 Species	菌株号 Isolates	国家 Country	序列号 GenBank accession numbers							
			<i>SSU</i>	<i>LSU</i>	<i>ITS</i>	<i>GAPDH</i>	<i>RPB2</i>	<i>Alt a 1</i>	<i>endoPG</i>	<i>OPA10-2</i>
<i>Alternaria alternantherae</i>	CBS 124 392	中国	KC584251	KC584506	KC584179	KC584096	KC584374	KP123846	NA	NA
<i>A. alstroemeriae</i>	CBS 118 808	美国	KP124917	KP124447	KP124296	KP124153	KP124764	KP123845	KP123993	KP124601
<i>A. alternata</i>	CBS 916.96 ^T	印度	KC584507	DQ678082	AF347031	AY278808	KC584375	NA	NA	NA
<i>A. angustiovoidea</i>	CBS 195.86 ^T	加拿大	KP124939	KP124469	KP124317	KP124173	KP124785	JQ646398	KP124017	KP124624
<i>A. arborescens</i>	CBS 102 605 ^T	美国	KC584509	KC584253	AF347033	AY278810	KC584377	AY563303	AY295028	KP124712
<i>A. arborescens</i>	CBS 124 281	丹麦	KP125037	KP124567	KP124414	KP124265	KP124883	KP123961	KP124118	KP124728
<i>A. arborescens</i>	CBS 124 282	丹麦	KP125038	KP124568	KP124415	KP124266	KP124884	KP123962	KP124119	KP124729
<i>A. astragali</i>	CBS 127 672 ^T	美国	KP125006	KP124536	KP124382	KP124234	KP124852	KP123930	KP124086	KP124695
<i>A. betae-kenyensis</i>	CBS 118 810 ^T	肯尼亚	KP125042	KP124572	KP124419	KP124270	KP124888	KP123966	KP124123	KP124733
<i>A. brassicinae</i>	CBS 118 811 ^T	美国	KP124978	KP124508	KP124356	KP124210	KP124824	KP123904	KP124057	KP124667
<i>A. brossonnetiae</i>	CBS 121 455 ^T	中国	KP124992	KP124522	KP124368	KP124220	KP124838	KP123916	KP124072	KP124681
<i>A. burnsii</i>	CBS 108.27	未知	KC584601	KC584343	KC584236	KC584162	KC584468	KP123850	KP123997	KP124605
<i>A. burnsii</i>	CBS 107.38 ^T	印度	KP125043	KP124573	KP124420	JQ646305	KP124889	KP123967	KP124124	KP124734
<i>A. burnsii</i>	CBS 130 264	印度	KP125048	KP124578	KP124425	KP124275	KP124894	KP123972	KP124129	KP124739
<i>A. caudata</i>	CBS 121 544	美国	KP124995	KP124525	KP124371	KP124223	KP124841	KP123919	KP124075	KP124684
<i>A. cinerariae</i>	CBS 612.72 ^{LT}	德国	KP124930	KP124460	KP124308	KP124165	KP124777	KP123861	KP124008	KP124615
<i>A. citrimacularis</i>	CBS 102 596 ^T	美国	KP124950	KP124480	KP124328	KP124183	KP124796	KP123877	KP124030	KP124637
<i>A. citriarbusi</i>	CBS 102 598 ^T	美国	KP124951	KP124481	KP124329	KP124184	KP124797	KP123878	KP124031	KP124638
<i>A. citricancri</i>	CBS 119 543 ^T	美国	KP124985	KP124515	KP124363	KP124215	KP124831	KP123911	KP124065	KP124674
<i>A. citri</i>	CBS 107.27 ^{ET}	美国	KP124921	KP124451	KP124300	KP124157	KP124768	KP123849	KP123996	KP124604
<i>A. cunninghamiicola</i>	DSQ3-2-2	中国	OR229506	OR229649	OR229444	OR252426	OR252522	OR252378	OR252474	OR233864
<i>A. cunninghamiicola</i>	DSQ3-2-3	中国	OR229507	OR229650	OR229445	OR252427	OR252523	OR252379	OR252475	OR233865
<i>A. cunninghamiicola</i>	DSQ3-2-4	中国	OR229508	OR229651	OR229446	OR252428	OR252524	OR252380	OR252476	OR233866
<i>A. daucifolii</i>	CBS 118 812 ^T	美国	KC584525	KC584269	KC584193	KC584112	KC584393	KP123905	KP124058	KP124668
<i>A. destruens</i>	CBS 121 454 ^T	美国	KP124991	KP124521	NA	AY278812	KP124837	JQ646402	KP124071	KP124680
<i>A. dongshanqiaoensis</i>	DSQ2-2 ^T	中国	OR229495	OR229638	OR229433	OR252415	OR252511	OR252367	OR252463	OR233853
<i>A. dongshanqiaoensis</i>	HN43-6-1-3	中国	OR229502	OR229645	OR229440	OR252422	OR252518	OR252374	OR252470	OR233860
<i>A. dongshanqiaoensis</i>	HN43-6-1-4	中国	OR229503	OR229646	OR229441	OR252423	OR252519	OR252375	OR252471	OR233861
<i>A. dumosa</i>	CBS 102 604 ^T	以色列	KP124956	KP124486	KP124334	AY562410	KP124802	AY563305	KP124035	KP124643
<i>A. eichhorniae</i>	CBS 489.92 ^T	印度	KP125049	KP124579	KC146356	KP124276	KP124895	KP123973	KP124130	KP124740
<i>A. gaisen</i>	CBS 632.93	日本	KC584531	KC584275	KC584197	KC584116	KC584399	KP123974	AY295033	KP124742
<i>A. gaisen</i>	CBS 118 488	日本	KP125051	KP124581	KP124427	KP124278	KP124897	KP123975	KP124132	KP124743
<i>A. gaisen</i>	CPC 25 268	葡萄牙	KP125052	KP124582	KP124428	KP124279	KP124898	KP123976	KP124133	KP124744
<i>A. godetiae</i>	CBS 117.44 ^T	丹麦	KP124925	KP124455	KP124303	KP124160	KP124772	KP123854	KP124001	KP124609
<i>A. gossypina</i>	CBS 104.32 ^T	津巴布韦	KP125054	KP124584	KP124430	JQ646312	KP124900	JQ646395	KP124135	KP124746
<i>A. herbiphorbicola</i>	CBS 119 408 ^T	美国	KP124984	KP124514	KP124362	JQ646326	KP124830	JQ646410	KP124064	KP124673
<i>A. hunanensis</i>	HN43-10-2-2	中国	OR229488	OR229631	OR229426	OR252408	OR252504	OR252360	OR252456	OR233846
<i>A. hunanensis</i>	HN43-10-2-3	中国	OR229489	OR229632	OR229427	OR252409	OR252505	OR252361	OR252457	OR233847
<i>A. hunanensis</i>	HN43-10-2-4	中国	OR229490	OR229633	OR229428	OR252410	OR252506	OR252362	OR252458	OR233848
<i>A. iridiauxtralis</i>	CBS 118 486 ^T	澳大利亚	KP125059	KP124589	KP124435	KP124284	KP124905	KP123981	KP124140	KP124751
<i>A. iridiauxtralis</i>	CBS 118 487	澳大利亚	KP125060	KP124590	KP124436	KP124285	KP124906	KP123982	KP124141	KP124752
<i>A. jacinthicola</i>	CBS 133 751 ^T	马里	KP125062	KP124592	KP124438	KP124287	KP124908	KP123984	KP124143	KP124754
<i>A. jacinthicola</i>	CPC 25 267	未知	KP125063	KP124593	KP124439	KP124288	KP124909	KP123985	KP124144	KP124755

续表 2 Continued

物种名 Species	菌株号 Isolates	国家 Country	序列号 GenBank accession numbers							
			<i>SSU</i>	<i>LSU</i>	<i>ITS</i>	<i>GAPDH</i>	<i>RPB2</i>	<i>Alt a 1</i>	<i>endoPG</i>	<i>OPA10-2</i>
<i>A. kikuchiana</i>	CBS 107.53 ^{HT}	日本	KP124927	KP124457	KP124305	KP124162	KP124774	KP123858	KP124005	KP124613
<i>A. koreana</i>	SPL2-1	韩国	NA	NA	LC621613	LC621647	LC621681	LC631831	LC631844	LC631857
<i>A. koreana</i>	SPL2-4	韩国	NA	NA	LC621615	LC621649	LC621683	LC631832	LC631845	LC631858
<i>A. kunyuensis</i>	XXG31	中国	OR229518	OR229661	OR229456	OR252438	OR252534	OR252390	OR252486	OR233876
<i>A. kunyuensis</i>	XXG30	中国	OR229519	OR229662	OR229457	OR252439	OR252535	OR252391	OR252487	OR233877
<i>A. kunyuensis</i>	XXG12-2	中国	OR229520	OR229663	OR229458	OR252440	OR252536	OR252392	OR252488	OR233878
<i>A. lini</i>	CBS 106.34 ^T	未知	KP124924	KP124454	Y17071	JQ646308	KP124771	KP123853	KP124000	KP124608
<i>A. limoniasperae</i>	CBS 102 595 ^T	美国	KC584540	KC584284	FJ266476	AY562411	KC584408	AY563306	KP124029	KP124636
<i>A. longipes</i>	CBS 113.35	未知	KP125064	KP124594	KP124440	KP124289	KP124910	KP123986	KP124145	KP124756
<i>A. longipes</i>	CBS 917.96	美国	KP125066	KP124596	KP124442	KP124291	KP124912	KP123988	KP124148	KP124759
<i>A. longqiaoensis</i>	HN43-14-1	中国	OR229492	OR229635	OR229430	OR252412	OR252508	OR252364	OR252460	OR233850
<i>A. longqiaoensis</i>	HN43-14-2	中国	OR229493	OR229636	OR229431	OR252413	OR252509	OR252365	OR252461	OR233851
<i>A. longqiaoensis</i>	HN43-14-3	中国	OR229494	OR229637	OR229432	OR252414	OR252510	OR252366	OR252462	OR233852
<i>A. mali</i>	CBS 106.24 ^T	美国	KP124919	KP124449	KP124298	KP124155	KP124766	KP123847	AY295020	JQ800620
<i>A. palandui</i>	CBS 121 336 ^T	美国	KP124987	KP124517	KJ862254	KJ862255	KP124833	KJ862259	KP124067	KP124676
<i>A. pellucida</i>	CBS 479.90 ^T	日本	KP124941	KP124471	KP124319	KP124174	KP124787	KP123870	KP124019	KP124626
<i>A. perangusta</i>	CBS 102 602 ^T	土耳其	KP124954	KP124484	KP124332	KP124187	KP124800	KP123881	AY295023	KP124641
<i>A. postmessia</i>	CBS 119 399 ^T	美国	KP124983	KP124513	KP124361	JQ646328	KP124829	KP123910	KP124063	KP124672
<i>A. pulvinifungicola</i>	CBS 194.86 ^T	美国	KP124938	KP124468	KP124316	KP124172	KP124784	KP123869	KP124016	KP124623
<i>A. rhadina</i>	CBS 595.93 ^T	日本	KP124942	KP124472	KP124320	KP124175	KP124788	JQ646399	KP124020	KP124627
<i>A. sanguisorbae</i>	CBS 121 456 ^T	中国	KP124993	KP124523	KP124369	KP124221	KP124839	KP123917	KP124073	KP124682
<i>A. seleniphila</i>	CBS 127 671 ^T	美国	KP125005	KP124535	KP124381	KP124233	KP124851	KP123929	KP124085	KP124694
<i>A. septorioides</i>	CBS 175.80	意大利	KP124935	KP124465	KP124313	JQ646324	KP124781	KP123866	KP124013	KP124620
<i>A. shandongensis</i>	SDHG12-3	中国	OR229512	OR229655	OR229450	OR252432	OR252528	OR252384	OR252480	OR233870
<i>A. shandongensis</i>	SDHG12-4	中国	OR229513	OR229656	OR229451	OR252433	OR252529	OR252385	OR252481	OR233871
<i>A. shandongensis</i>	LY15	中国	OR229514	OR229657	OR229452	OR252434	OR252530	OR252386	OR252482	OR233872
<i>A. soliaegyptiaca</i>	CBS 103.33 ^T	埃及	KP124923	KP124453	KP124302	KP124159	KP124770	KP123852	KP123999	KP124607
<i>A. tenuis</i>	CBS 126 910	美国	KP125003	KP124533	KP124379	KP124231	KP124849	KP123927	KP124083	KP124692
<i>A. tenuissima</i>	CBS 620.83 ^{ET}	美国	KP124937	KP124467	KP124315	KP124171	KP124783	KP123868	KP124015	KP124622
<i>A. tomato</i>	CBS 103.30	未知	KP125069	KP124599	KP124445	KP124294	KP124915	KP123991	KP124151	KP124762
<i>A. tomato</i>	CBS 114.35	未知	KP125070	KP124600	KP124446	KP124295	KP124916	KP123992	KP124152	KP124763
<i>A. tomaticola</i>	CBS 118 814 ^T	美国	KP124979	KP124509	KP124357	KP124211	KP124825	KP123906	KP124059	KP124669
<i>A. vaccinii</i>	CBS 118 818 ^T	美国	KP124981	KP124511	KP124359	KP124213	KP124827	KP123908	KP124061	KP124671
<i>A. xinyangensis</i>	ZLS1 ^T	中国	OR229521	OR229664	OR229459	OR252441	OR252537	OR252393	OR252489	OR233879
<i>A. xinyangensis</i>	XYXY15-3	中国	OR229532	OR229675	OR229470	OR252452	OR252548	OR252404	OR252500	OR233890
<i>A. xinyangensis</i>	XYXY15-4	中国	OR229533	OR229676	OR229471	OR252453	OR252549	OR252405	OR252501	OR233891
<i>A. yali-inficiens</i>	CBS 121 547 ^T	中国	KP124996	KP124526	KP124372	KP124224	KP124842	KP123920	KP124076	KP124685
<i>A. nanpingensis</i>	SMS1	中国	PQ157631	PQ157639	PQ157635	PQ162575	PQ162567	PQ162579	PQ186745	PQ162571
<i>A. nanpingensis</i>	SMS2	中国	PQ157632	PQ157640	PQ157636	PQ162576	PQ162568	PQ162580	PQ186746	PQ162572
<i>A. nanpingensis</i>	SMS3^T	中国	PQ157633	PQ157641	PQ157637	PQ162577	PQ162569	PQ162581	PQ186747	PQ162573
<i>A. nanpingensis</i>	SMS5	中国	PQ157634	PQ157642	PQ157638	PQ162578	PQ162570	PQ162582	PQ186748	PQ162574

注: NA表示序列缺失, T表示模式菌株, ET表示附加模式菌株, HT表示主模式菌株, LT表示选定模式菌株。本研究中的菌株及序列加粗标示。

Notes: NA means not applicable; T represents the ex-type isolates; ET represents ex-epitype isolates; HT represents ex-holotype isolates; LT represents ex-lectotype isolates. Isolates from the present study are marked in bold.

过 ModelFinder 插件 (Kalyaanamoorthy et al., 2017), 对核苷酸替代模型进行计算, 确定最佳模型。使用 IQ-TREE v. 1.6.8 (Nguyen et al., 2015) 构建最大似然法 (Maximum Likelihood, ML) 发育树, 使用 MrBayes v. 3.2.6 (Ronquist et al., 2012) 构建贝叶斯法 (Bayesian Inference, BI) 系统发育树。通过 FigTree v. 1.4.2 (<http://tree.bio.ed.ac.uk/software/figtree/>) 可视化系统发育树, 并使用 Adobe Illustrator CS5 对其进行编辑。

为解决形态学难以区分的隐存种的分类问题, 本研究采用谱系一致性系统发育物种识别 (genealogical concordance phylogenetic species recognition, GCPSR), 通过 Quaedvlieg 等 (2014) 提出的成对同质性指数 (pairwise homoplasy index, PHI), 利用多基因位点串联数据集 (*ITS-SSU-LSU-GAPDH-RPB2-Alt a 1-*

endoPG-OPA10-2), 在 SplitsTree4 软件中评估近缘物种间的重组水平 (Huson, 1998; Huson and Bryant, 2006)。若 PHI 低于 0.05 ($\Phi_w < 0.05$), 则表明数据集中存在显著重组。最后, 通过构建分裂图可视化近缘物种间的系统发育关系。

2 结果与分析

2.1 杉木梢枯病的田间发病症状及菌株分离情况

杉木梢枯病主要危害当年生新梢, 导致梢头变褐枯死; 顶端主梢枯死后, 顶端优势被解除, 所以会出现多头现象 (图 1A、B)。将感病梢头置于塑料袋中保湿存放 1~2 d 后, 可观察到大量气生菌丝 (图 1C); 在体视显微镜下, 可见明显的分生孢子及产孢结构 (图 1D)。



图 1 杉木梢枯病危害症状

Fig. 1 Symptoms of shoot blight disease on Chinese fir

注: A. 杉木主梢枯死后产生的多头现象; B. 感病嫩梢褐变坏死; C. 高湿条件下, 病梢表面可见大量气生菌丝; D. 体视显微镜下可见病梢表面的分生孢子及产孢结构等形态。

Notes: A. Multi-shoot growth in Chinese fir after apical shoot dieback; B. Brown and necrotic discoloration on infected shoots; C. Abundant aerial hyphae visible on the surface of diseased shoots under high humidity; D. Conidia and sporulating structures observed on the surface of infected shoots under a stereomicroscope.

经单孢分离共获得 8 株真菌纯培养物, 根据分生孢子特征可初步确定为链格孢属 *Alternaria* sp. 真菌。

2.2 杉木梢枯病分离菌株的致病性

由于这些菌株的菌落形态和分生孢子特征高度一致, 本研究随机选取 SMS3 菌株的分生孢子悬浮液, 对离体杉木叶片进行接种处理。接种 3 d 后, 叶片出

现不规则黄褐色至褐色病斑; 培养至第 6 天, 病斑逐渐扩大并沿叶尖扩展 (图 2A)。

在活体梢头接种试验中, SMS3 菌株同样可成功侵染杉木新梢 (图 2B)。接种 2 d 后, 菌丝沿新梢周围叶片蔓延, 但未观察到明显病症; 培养至第 5 天, 菌丝扩展区域开始出现深褐色至黑色斑点; 持续培养

至第10天,病斑迅速扩大,感病梢头开始萎蔫,病部中央呈现深褐色至黑褐色。对照组植株则未出现任何病症。

从感病叶片和梢头重新分离获得的菌株,其形态特征与原始接种物一致。上述结果满足柯赫法则要求,据此可确定 SMS3 菌株是导致杉木枯梢病的病原菌。

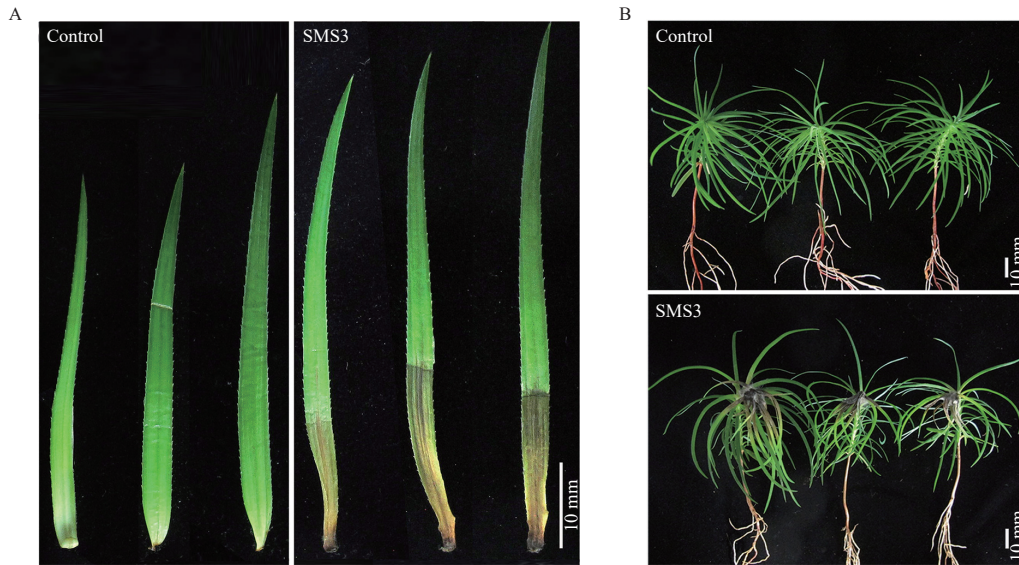


图2 南平链格孢菌株 SMS3 接种杉木离体叶片和活体梢头的发病症状

Fig. 2 Symptoms on detached Chinese fir leaves and Chinese fir shoots in vivo inoculated with *Alternaria nanpingensis* SMS3

注: A. 使用南平链格孢菌株 SMS3 分生孢子悬浮液接种杉木离体叶片 6 d 后的发病症状; B. 使用南平链格孢菌株 SMS3 菌丝块接种杉木活体嫩梢 10 d 后的发病症状。

Notes: A. Symptoms on detached Chinese fir leaves in vitro inoculated with *A. nanpingensis* SMS3 conidial suspension at 6 dpi; B. Symptoms on Chinese fir shoots in vivo inoculated with *A. nanpingensis* SMS3 mycelial plugs at 10 dpi.

2.3 分子系统学特征

基于 8 个基因(*ITS-SSU-LSU-GAPDH-RPB2-Alt a 1-endoPG-OPA10-2*)串联序列构建的链格孢属的最大似然法(ML)和贝叶斯法(BI)系统发育树如图 3 所示,菌株 SMS1、SMS2、SMS3 和 SMS5 以高支持率(ML-BS/BI-PP=98/1)聚为一支,并与其余已知种分开而形成独立分枝。该独立分枝与东善桥链格孢 *A. dongshanqiaoensis* Lin Huang, Jiao He & D.W. Li、柑橘链格孢 *A. citri* Ellis & N. Pierce、瓜叶菊链格孢 *A. cinerariae* Hori & Enjoji 及信阳链格孢 *A. xinyangensis* Lin Huang, Jiao He & D.W. Li 亲缘关系较近(图 3)。对 8 个基因串联序列数据集进行 PHI 检验,结果显示,分离株/类群间未检测到显著重组($\Phi_w=1.0$)(图 4)。因此,菌株 SMS1、SMS2、SMS3 和 SMS5 被鉴定为链格孢属一新种,命名为南平链格孢 *Alternaria nanpingensis*。

2.4 分类学特征

南平链格孢(新种)(图 5)

模式菌株:中国福建省南平市(26°49'18"N, 117°53'30"E),从杉木梢枯病组织分离,2024年4月,采集人:黄金华和任建灵(CFCC 70 993)。

词源学:种加词“*nanpingensis*”源自模式标本采

集地福建省南平市。

寄主与分布:寄生于中国福建省南平市的杉木。

描述:菌丝表生于 PDA 培养基,由具隔膜、分枝、表面光滑、壁薄的淡白色至灰色菌丝组成。分生孢子梗粗壮,单生,近圆柱形,分枝或不分枝,直或膝曲状,壁薄,具 1~10 个隔膜,长度 17.8~126.1 μm (平均值 \pm 标准差=40.8 \pm 20.7 μm ; n=32)。产孢细胞圆柱形,浅棕色至棕色,大小(6.5~8.1) $\mu\text{m}\times$ (2.3~5.0) μm [平均值 \pm 标准差=(7.2 \pm 0.4) $\mu\text{m}\times$ (3.4 \pm 0.8) μm , n=31],单孔或多孔产孢,分生孢子脱落后产孢位点可见明显脱落痕迹。每个产孢位点形成主链含 7~15 个分生孢子,偶见分枝链含 1~2 个分生孢子。分生孢子淡褐色至褐色,形态多样,卵圆形、椭圆形、梨形或倒棍棒形,表面通常光滑,偶尔粗糙;分生孢子孢身大小(6.9~41.5) $\mu\text{m}\times$ (4.0~22.5) μm [平均值 \pm 标准差=(25.5 \pm 6.6) $\mu\text{m}\times$ (15.0 \pm 3.5) μm ; n=49],具 1~4 个横隔膜和 0~3 个纵隔膜。次生分生孢子通常通过顶生或侧生的次生分生孢子梗产生,少数由分生孢子顶端不明显的产孢位点直接产生。次生分生孢子梗(假喙)具 1 至数个产孢位点,长度 1.8~28.7 μm (平均值 \pm 标准差=9.0 \pm 7.1 μm ; n=52)。无喙分生孢子顶端多具锥形细胞。

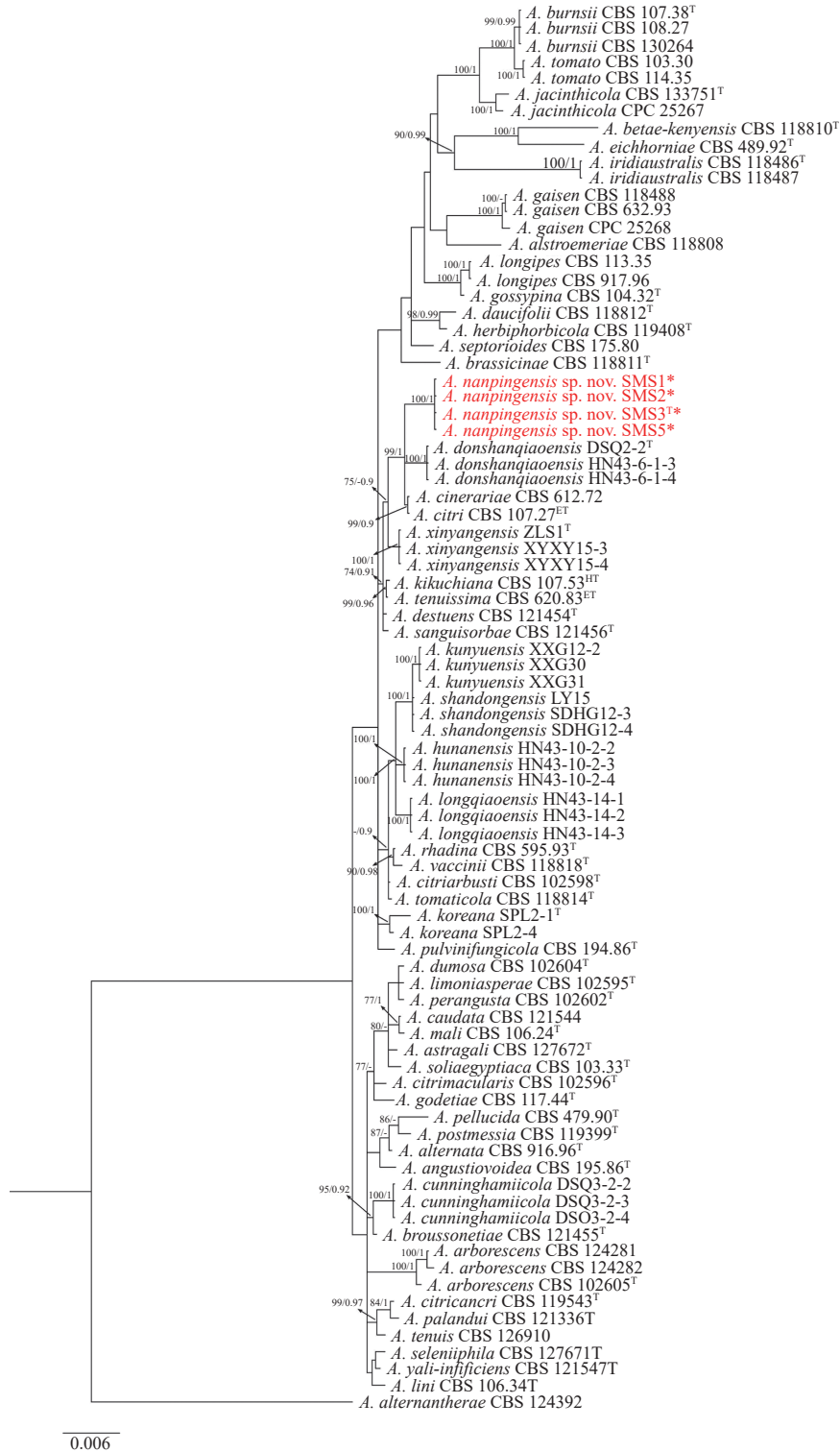


图 3 基于 *SSU*、*LSU*、*ITS*、*GAPDH*、*RPB2*、*Alt a 1*、*endoPG* 及 *OPA10-2* 基因串联序列构建的贝叶斯和最大似然法链格孢属系统发育树

Fig. 3 Phylogenetical tree of *Alternaria* based on concatenated sequences of the *SSU*, *LSU*, *ITS*, *GAPDH*, *RPB2*, *Alt a 1*, *endoPG*, and *OPA10-2* loci using Bayesian inference (BI) and maximum likelihood (ML) methods

注: 分支节点标注 ML 自展支持率 $\geq 70\%$ 且 BI 后验概率 ≥ 0.9 的值(格式: ML/BI)。*红色字体表示本研究菌株。T 代表模式菌株; ET 代表附加模式菌株; HT 代表主模式菌株; LT 代表后选模式菌株。

Notes: Bootstrap support values from ML $\geq 70\%$ and BI posterior values ≥ 0.9 are shown at nodes(ML/BI). * and red font indicate strains from this study. T indicates ex-type strains, ET represents ex-epitype strains, HT denotes ex-holotype strains, and LT indicates ex-lectotype strains.

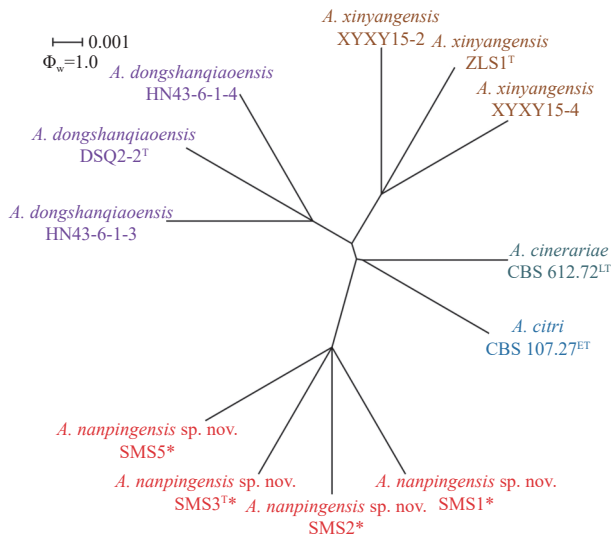


图4 南平链格孢及其近缘种的成对同质指数 (PHI) 检验结果
Fig. 4 Splitgraphs showing the results of the pairwise homoplasmy index (PHI) test for *Alternaria nanpingensis* and its phylogenetically related isolates or species using both LogDet transformation and splits decomposition

注: PHI 检验值(Φ_w)<0.05 表明数据集中存在显著重组事件; *标注为本研究使用的菌株。T 表示模式菌株; ET 表示附加模式菌株; HT 表示主模式菌株; LT 表示后选模式菌株。

Notes: PHI test value(Φ_w) < 0.05 indicates significant recombination within a dataset. * denotes strains from this study. T indicates the ex-type strains, ET indicates the ex-epitype strains, HT indicates the ex-holotype strains, and LT indicates the ex-lectotype strains.

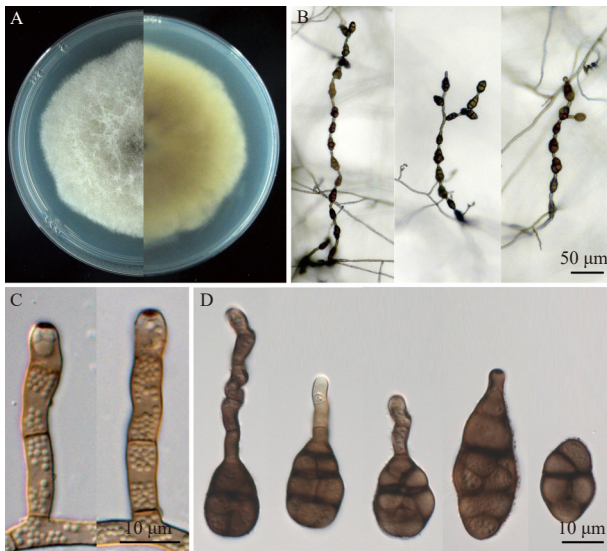


图5 南平链格孢 SMS3 的形态特征
Fig. 5 Morphology of *Alternaria nanpingensis* SMS3

注: A. PDA 培养基上的菌落形态; B. 分生孢子链; C. 分生孢子梗及产孢细胞; D. 分生孢子。

Notes: A. Colony on PDA; B: Conidial chains; C. Conidiophores and conidiogenous cell; D. Conidia.

未观察到厚垣孢子。

培养特征: PDA 培养基上 25 °C 暗培养, 菌落生

长速率为 1.08 ± 0.14 cm/d; 气生菌丝呈棉絮状, 白色至淡灰色; 菌落反面中心浅黄色; 产孢稀疏; 无扩散性色素。

其他研究材料: 中国福建省南平市 ($26^{\circ}49'18''N$, $117^{\circ}53'30''E$), 从杉木梢枯病组织中分离, 2024 年 4 月, 采集人: 黄金华和任建灵, 菌株编号 SMS1、SMS2、SMS5。

注释: 南平链格孢 *A. nanpingensis* 与东善桥链格孢 *A. dongshanqiaoensis*、柑橘链格孢 *A. citri*、瓜叶菊链格孢 *A. cinerariae* 及信阳链格孢 *A. xinyangensis* 的分子系统学亲缘关系较近 (图 3)。各基因序列碱基差异比对结果显示: 南平链格孢 *A. nanpingensis* 与东善桥链格孢 *A. dongshanqiaoensis* (DSQ2-2) 的碱基差异主要在 *GAPDH* (8/177)、*ITS* (9/511) 和 *RPB2* (7/745), 而 *SSU* (2/964)、*Alt a 1* (1/407)、*LSU* (0/837)、*OPA10-2* (0/630)、*endoPG* (0/366) 差异无或者较少; 与瓜叶菊链格孢 *A. cinerariae* (CBS 612.72) 的碱基差异主要在 *GAPDH* (8/177) 和 *RPB2* (7/745), 而 *Alt a 1* (0/407)、*ITS* (0/511)、*LSU* (0/837)、*OPA10-2* (0/630)、*SSU* (0/964) 和 *endoPG* (1/366) 差异无或者极少; 与柑橘链格孢 *A. citri* (CBS 107.27) 的碱基差异主要在 *GAPDH* (8/177) 和 *RPB2* (7/745), 而 *Alt a 1* (0/407)、*ITS* (0/511)、*LSU* (0/837)、*SSU* (1/964) 和 *endoPG* (0/366) 无差异或差异极小; 与信阳链格孢 *A. xinyangensis* (ZLS1) 的碱基差异主要在 *GAPDH* (8/177)、*OPA10-2* (8/630)、*RPB2* (7/745) 和 *ITS* (5/511), 而 *Alt a 1* (0/407)、*LSU* (0/837)、*SSU* (1/964) 和 *endoPG* (0/366) 无差异或差异极小。系统学分析的结果表明南平链格孢 *A. nanpingensis* 与东善桥链格孢 *A. dongshanqiaoensis* 以及其他已知种分开而形成独立分枝并有高支持率 (图 3)。PHI 分析表明, *A. yangkouensis* 菌株与其近缘种间无显著重组 ($\Phi_w=1.0$) (图 4)。形态上, 南平链格孢 *A. nanpingensis* 的分生孢子链含 7~15 个孢子, 显著多于东善桥链格孢 *A. dongshanqiaoensis* (5~9 个) (He et al., 2024)、瓜叶菊链格孢 *A. cinerariae* (2~9 个) (Nishikawa and Nakashima, 2020; Simmons, 1997)、柑橘链格孢 *A. citri* (3~6 个) (Pierce, 1902) 及信阳链格孢 *A. xinyangensis* (2~7 个) (He et al., 2024)。另外, 南平链格孢 *A. nanpingensis* 的分生孢子梗 (20.1~61.5 μm) 短于瓜叶菊链格孢 *A. cinerariae* (25.0~196.0 μm)。南平链格孢 *A. nanpingensis* 的分生孢子 [(18.9~32.1) $\mu\text{m} \times$ (11.5~18.5) μm] 小于瓜叶菊链格孢 *A. cinerariae* [(18.0~295.0) $\mu\text{m} \times$ (8.0~63.0) μm], 但宽于信阳链格孢 *A. xinyangensis* (8.6~12.9 μm) (表 3)。系统学分析和 PHI

表3 南平链格孢与其近缘种的形态特征区分

Tab. 3 Morphological differentiation between *Alternaria nanpingensis* and its related species

物种	分生孢子梗长度/ μm	产孢细胞大小/μm	分生孢子链孢子数/个	分生孢子大小/μm	喙或假喙长度/μm
Species	Conidiophores length	Size of conidiogenous cells	Number of conidia per chain	Size of conidia	Beak or false beak length
南平链格孢 <i>A. nanpingensis</i>	20.1~61.5	(6.8~7.6) × (2.5~4.2)	7~15	(18.9~32.1) × (11.5~18.5)	1.9~16.2
瓜叶菊链格孢 <i>A. cinerariae</i>	25.0~196.0	NA	2~9	(18.0~295.0) × (8.0~63.0)	80.0~159.0
柑橘链格孢 <i>A. citri</i>	NA	NA	3~6	(10.0~40.0) × (8.0~25.0)	NA
东善桥链格孢 <i>A. dongshanqiaoensis</i>	16.4~60.2	(5.2~13.7) × (3.5~4.6)	5~9	(21.1~32.9) × (11.4~16.8)	2.2~9.4
信阳链格孢 <i>A. xinyangensis</i>	15.3~54.9	(5.3~9.6) × (3.3~4.9)	2~7	(19.9~31.8) × (8.6~12.9)	5.3~16.0

注: NA表示数据缺失; 本研究中的物种数据加粗标示。

Notes: NA means not applicable; Data from the present study are marked in bold.

分析结果以及形态差异均说明 *A. nanpingensis* 为新种。

3 讨论

本研究描述了与杉木梢枯病相关的链格孢属真菌的1个新物种——南平链格孢 *Alternaria nanpingensis*。早在1992年, 杉木梢枯病在中国广东省肇庆市西江林场苗圃被发现, 随后的多项研究分别报道了该病害由多种平脐蠕孢属 *Bipolaris* 真菌引起。例如, Wang等(1995)基于形态学特征, 鉴定甘蔗平脐蠕孢 *B. sacchari* (E.J. Butler) Shoemaker 为致病菌; Huang等(2018)通过 *ITS*、*TEF* 和 *GAPDH* 多基因系统发育分析结合形态证据, 证实稻平脐蠕孢 *B. oryzae* (Breda de Haan) Shoemaker 是福建杉木梢枯病的病原; Zhang等(2024)最新研究则发现福建平脐蠕孢 *B. fujianensis* Q. H. Zhang, X. T. Wang & Q. Q. Wang 为该病害的新病原。然而, 除了早期的研究报道过杉木上存在链格孢属 *Alternaria* sp. 真菌, 以及 He等(2024)近期发现7个引起杉木叶枯病的链格孢新种外, 尚未有链格孢属物种引起杉木梢枯病的报道。本研究基于多基因位点 (*ITS*-*SSU*-*LSU*-*GAPDH*-*RPB2*-*Alt a 1*-*endoPG*-*OPA10-2*) 系统发育分析和形态学研究, 报道了从福建杉木梢枯病样本中分离鉴定出的1个真菌新物种——南平链格孢 *A. nanpingensis*, 且致病性结果显示其为杉木梢枯病的新病原。

南平链格孢 *A. nanpingensis* 与近缘种东善桥链格孢 *A. dongshanqiaoensis*、柑橘链格孢 *A. citri*、瓜叶菊链格孢 *A. cinerariae* 及信阳链格孢 *A. xinyangensis* 区别在于分生孢子链的长度。此外, 分生孢子梗长度和分生孢子大小虽有差异但存在部分重叠, 这使得分子系统学方法的应用显得尤为重要。本研究通过对新种及其近缘种碱基比对分析发现, *RPB2*

和 *GAPDH* 能有效区分南平链格孢 *A. nanpingensis* 与其近缘种, 而 *LSU*、*SSU*、*Alt a 1* 和 *endoPG* 分辨力较弱。值得注意的是, *ITS* 序列可区分南平链格孢 *A. nanpingensis* 与东善桥链格孢 *A. dongshanqiaoensis*、信阳链格孢 *A. xinyangensis*, 但对柑橘链格孢 *A. citri*、瓜叶菊链格孢 *A. cinerariae* 无效; *OPA10-2* 基因仅对区分信阳链格孢有效。由此可见, 多基因联合分析在链格孢属的精准鉴定中起着至关重要的作用。

杉木梢枯病是苗圃生产中具有毁灭性的重要病害, 染病苗木即使存活也会因生长迟缓和树冠畸形而完全丧失造林价值。该病害具有明显的季节性流行规律, 通常在多雨的4月份开始发生, 此时适宜的温湿度条件极有利于病原菌侵染。到了7—8月高温多雨季节, 病害往往会在田间快速传播并形成流行高峰。针对这一发病特点, 应采取系统化的综合防控措施: 首先, 清除病枯落叶等越冬菌源并进行土壤消毒, 减少初侵染源; 其次, 加强苗期栽培管理, 通过合理控制种植密度、确保排水通畅和保持适度遮荫来创造不利于病害发生的环境条件; 同时, 配合科学施肥以增强苗木自身抗病能力, 并在发病初期及时采取防治措施。目前, 研究人员正致力于生物化学防治技术的研究, 以期进一步完善该病害的防控体系。

4 结论

基于多基因位点系统发育分析和形态学研究, 本研究报道了从福建省南平市杉木梢枯病样本中分离鉴定出的1个真菌新物种——南平链格孢 *Alternaria nanpingensis*, 并证实了其致病性。这一发现为该病害防控提供了重要理论依据, 后续需要重点开展田间防治技术研究, 探索适合我国杉木产业特点的病害综合治理策略。

参 考 文 献

- 黄天章,程瑞英. 1986. 杉木溃疡病研究初报[J]. 福建林学院学报(2): 2, 39-42, 95.
- Huang T Z, Cheng R Y. 1986. A preliminary report on the study of Chinese fir canker[J]. Journal of Fujian Forestry University, (2): 2, 39-42, 95. (in Chinese)
- 蓝肖,董利军,黄开勇,等. 2015. 杉木主要病虫害种类及防治研究综述[J]. 广西林业科学, 44(2): 162-167.
- Lan X, Dong L J, Huang K Y, et al. 2015. Main species and prevention research on diseases and pests of *Cunninghamia lanceolata*[J]. Guangxi Forestry Science, 44(2): 162-167. (in Chinese)
- 王军,岑炳洁,江祖森,等. 1995. 杉木枯梢病的病原鉴定[J]. 华南农业大学学报, 16(4): 47-49.
- Wang J, Cen B, Jiang Z, et al. 1995. Identification of the pathogen which causes Chinese fir shoot blight[J]. Journal of South China Agricultural University, 16(4): 47-49. (in Chinese)
- 王效科,冯宗炜,欧阳志云. 2001. 中国森林生态系统的植物碳储量和碳密度研究[J]. 应用生态学报, 12(1): 13-16.
- Wang X K, Feng Z W, Ouyang Z Y. 2001. Vegetation carbon storage and density of forest ecosystems in China[J]. The Journal of Applied Ecology, 12(1): 13-16. (in Chinese)
- 韦春义. 2012. 杉木幼苗梢枯病的研究[J]. 广东农业科学, 39(11): 92-95.
- Wei C Y. 2012. Research on the disease of peripheral wither in *Cunninghamia lanceolata* seedlings[J]. Guangdong Agricultural Sciences, 39(11): 92-95. (in Chinese)
- 严洪. 2020. 杉木林分经营碳汇项目发展的潜力分析[J]. 武夷学院学报, 39(9): 14-17.
- Yan H. 2020. Potential analysis of launching forest management carbon sequestration projects by the management of Chinese fir forest. Journal of Wuyi University, 39(9): 14-17. (in Chinese)
- Andrew M, Peever T L, Pryor B M. 2009. An expanded multilocus phylogeny does not resolve morphological species within the small-spored *Alternaria* species complex[J]. Mycologia, 101(1): 95-109.
- Berbee M L, Pirseyedi M, Hubbard S. 1999. *Cochliobolus* phylogenetics and the origin of known, highly virulent pathogens, inferred from *ITS* and glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase gene sequences[J]. Mycologia, 91(6): 964-977.
- Crous P W, Schoch C L, Hyde K D, et al. 2009. Phylogenetic lineages in the capnodiales[J]. Studies in Mycology, 64: 17-47.
- Cui W L, Lu X Q, Bian J Y, et al. 2020. *Curvularia spicifera* and *Curvularia muehlenbeckiae* causing leaf blight on *Cunninghamia lanceolata*[J]. Plant Pathology, 69(6): 1139-1147.
- Damm U, Mostert L, Crous P W, et al. 2008. Novel *Phaeoacremonium* species associated with necrotic wood of *Prunus* trees[J]. Persoonia - Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi, 20(1): 87-102.
- Fisher P J, Petrini O. 1992. Fungal saprobes and pathogens as endophytes of rice (*Oryza sativa* L.)[J]. New Phytologist, 120(1): 137-143.
- He J, Li D W, Cui W L, et al. 2024. Seven new species of *Alternaria* (Pleosporales, Pleosporaceae) associated with Chinese fir, based on morphological and molecular evidence[J]. MycoKeys, 101: 1-44.
- He J, Li D W, Zhu Y N, et al. 2022. Diversity and pathogenicity of *Colletotrichum* species causing anthracnose on *Cunninghamia lanceolata*[J]. Plant Pathology, 71(8): 1757-1773.
- Hong S G, Cramer R A, Lawrence C B, et al. 2005. *Alt a 1* allergen homologs from *Alternaria* and related taxa: Analysis of phylogenetic content and secondary structure[J]. Fungal Genetics and Biology, 42(2): 119-129.
- Huang L, Zhu Y N, Yang J Y, et al. 2018. Shoot blight on Chinese fir (*Cunninghamia lanceolata*) is caused by *Bipolaris oryzae*[J]. Plant Disease, 102(3): 500-506.
- Huson D H. 1998. SplitsTree: Analyzing and visualizing evolutionary data[J]. Bioinformatics, 14(1): 68-73.
- Huson D H, Bryant D. 2006. Application of phylogenetic networks in evolutionary studies[J]. Molecular Biology and Evolution, 23(2): 254-267.
- Hyde K D. 2024. The 2024 outline of fungi and fungus-like taxa[J]. Mycosphere, 15(1): 5146-6239.
- Jiang Y G, Hu Z, Han Z G, et al. 2022. Growth characteristics of *Cunninghamia lanceolata* in China[J]. Scientific Reports, 12: 18179.
- Kalyaanamoorthy S, Minh B Q, Wong T K F, et al. 2017. ModelFinder: Fast model selection for accurate phylogenetic estimates[J]. Nature Methods, 14(6): 587-589.
- Katoh K, Standley D M. 2013. MAFFT multiple sequence alignment software version 7: Improvements in performance and usability[J]. Molecular Biology and Evolution, 30(4): 772-780.
- Lawrence D P, Gannibal P B, Peever T L, et al. 2013. The sections of *Alternaria*: Formalizing species-group concepts[J]. Mycologia, 105(3): 530-546.
- Li J F, Jiang H B, Jeewon R, et al. 2023. *Alternaria*: Update on species limits, evolution, multi-locus phylogeny, and classification[J]. Studies in Fungi, 8(1): 1-61.
- Liao Y C Z, Sun J W, Li D W, et al. 2023. First report of top blight of *Cunninghamia lanceolata* caused by *Diaporthe unshiuensis* and *Diaporthe hongkongensis* in China[J]. Plant Disease, 107(3): 962.
- Liu Y J, Whelen S, Hall B D. 1999. Phylogenetic relationships among ascomycetes: Evidence from an RNA polymerase II subunit[J]. Molecular Biology and Evolution, 16(12): 1799-1808.
- Nees Von Esenbeck C G. 1816. *Das system der pilze und schwämme*[M]. San Francisco: Hutson Street Press.
- Nguyen L T, Schmidt H A, von Haeseler A, et al. 2015. IQ-TREE: A fast and effective stochastic algorithm for estimating maximum-likelihood phylogenies[J]. Molecular Biology and Evolution, 32(1): 268-274.
- Nishikawa J, Nakashima C. 2020. Japanese species of *Alternaria* and their species boundaries based on host range[J]. Fungal Systematics and Evolution, 5(1): 197-282.
- Pierce N B. 1902. Black rot of oranges[J]. Botanical Gazette, 33(3): 234-235.
- Quaedvlieg W, Binder M, Groenewald J Z, et al. 2014. Introducing the consolidated species concept to resolve species in the *Teratosphaeriaceae*[J]. Persoonia - Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi, 33(1): 1-40.
- Ronquist F, Teslenko M, van der Mark P, et al. 2012. MrBayes 3.2: Efficient Bayesian phylogenetic inference and model choice across a large model space[J]. Systematic Biology, 61(3): 539-542.
- Schulz B, Wanke U, Draeger S, et al. 1993. Endophytes from herbaceous

- plants and shrubs: Effectiveness of surface sterilization methods[J]. [Mycological Research](#), 97(12): 1447–1450.
- Seifert K, Morgan-Jones G, Gams W, *et al.* 2011. The Genera of *Hyphomycetes*[M]. Utrecht: CBS-KNAW Fungal Biodiversity Centre: 119–129.
- Simmons E G. 1992. *Alternaria* taxonomy: current status, viewpoint, challenge[J]. *Alternaria Biology, Plant Diseases and Metabolites*: 1–35.
- Simmons E G. 2007. *Alternaria*, an identification manual[M]. Utrecht: CBS Fungal Biodiversity Centre Utrecht.
- Simmons E G, Roberts R G. 1993. *Alternaria* themes and variations (73)[J]. *Mycotaxon*, 48: 109–140.
- Simmons E G. 1997. *Alternaria* themes and variations (151-223)[J]. *Mycotaxon*, 65: 1–91.
- Thomma B P H J. 2003. *Alternaria* spp. from general saprophyte to specific parasite[J]. *Molecular Plant Pathology*, 4(4): 225–236.
- White T J, Bruns S, Lee S, *et al.* 1990. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics[J]. *PCR Protocols, A Guide to Methods and Application*, (1): 315–322.
- Wijayawardene N N. 2020. Outline of fungi and fungus-like taxa[J]. [Mycosphere](#), 11(1): 1060–1456.
- Woudenberg J H C, van der Merwe N A, Jurjević, *et al.* 2015. Diversity and movement of indoor *Alternaria alternata* across the mainland USA[J]. [Fungal Genetics and Biology](#), 81: 62–72.
- Zhang D, Gao F L, Jakovlić I, *et al.* 2020. PhyloSuite: An integrated and scalable desktop platform for streamlined molecular sequence data management and evolutionary phylogenetics studies[J]. [Molecular Ecology Resources](#), 20(1): 348–355.
- Zhang Q H, Meng Y H, Zhao W B, *et al.* 2024. *Bipolaris fujianensis* sp. nov. an emerging pathogen of sapling shoot blight on Chinese fir, and its sensitivity to fungicides[J]. [Plant Disease](#), 108(4): 1025–1032.