

安徽三角槭漆斑病病原菌鉴定

王海琪¹ 李方璐² 汤玉洋² 徐玉武² 隋晓楠¹ 王士娟³ 侯成林^{1*}

(1. 首都师范大学生命科学学院, 北京 100048; 2. 滁州市林业科学研究所, 安徽 滁州 239004; 3. 安徽农业大学林学与园林学院, 安徽省重大林业有害生物绿色防控重点实验室, 安徽 合肥 230036)

摘要: 漆斑病是阔叶树人工林中广泛发生的叶部病害, 其病原菌种类繁多, 但病害症状与病原菌形态十分相似, 且野外采集的子囊果中子囊及子囊孢子大多发育不成熟, 形态学鉴定较为困难。本研究基于形态学特征和多基因系统发育分析, 对采自安徽省滁州市和合肥市的三角槭 *Acer buergerianum* Miq. 漆斑病病原进行了鉴定, 确定其为环纹斑痣盘菌 *Rhytisma annuliforme* (Syd., P. Syd. & E.J. Butler) C.L. Hou, Q.T. Wang & P.F. Cannon。研究结果为槭属植物漆斑病的病原真菌识别及防治提供了理论基础。

关键词: 斑痣盘菌; 形态学; 系统发育; 槭树

中图分类号: S763.19

文献标识码: A

文章编号: 2097-5279(2025)04-0071-08

Identification of the pathogen causing tar spot disease on *Acer buergerianum* in Anhui Province, China

WANG Haiqi¹ LI Fanglu² TANG Yuyang² XU Yuwu² SUI Xiaonan¹ WANG Shijuan³ HOU Chenglin^{1*}

(1. College of Life Sciences, Capital Normal University, Beijing 100048, China; 2. Forestry Research Institute of Chuzhou City, Chuzhou 239004, China; 3. Anhui Provincial Key Laboratory of Green Control for Major Forestry Pests, School of Forestry & Landscape Architecture, Anhui Agricultural University, Hefei 230036, China)

Abstract: Tar spot disease is a widespread foliar disease in broadleaf tree plantations. Its pathogens are highly diverse, and their disease symptoms and morphological characteristics are often similar, and the ascospores within the ascomata collected in the field are often underdeveloped, making morphological identification challenging. Based on morphological characteristics and multi-gene phylogenetic analysis, this study identified the pathogen causing tar spot on *Acer buergerianum* collected from Chuzhou and Hefei cities in Anhui Province as *Rhytisma annuliforme*. These results provide a theoretical basis for the identification and control of pathogenic fungi causing tar spot disease in *Acer* species.

Keywords: *Rhytisma annuliforme*; morphology; phylogeny; *Acer* spp.

三角槭 *Acer buergerianum* Miq. 是双子叶植物纲 Dicotyledoneae 无患子科 Sapindaceae Juss. 槭属 *Acer* L. 的一种落叶乔木, 是重要的园林绿化树种 (马进等, 2005; 乔勇进等, 2004; 任海青等, 1994; 童贯和, 2002), 其木材优良, 广泛用于高级家具、室内装饰、乐器以及工艺美术制品的制作等 (刘盛全, 1994; 柯病凡等, 1994), 具有很好的经济价值 (许珈欢, 2017; 胡丰林, 2004; 陆瑞利等, 2003; 魏希颖等, 2005; 邱业先等, 2003)。

然而, 三角槭在生长过程中易感染漆斑病、白粉病、炭疽病和叶斑病等病害 (褚敏等, 2020; 杨志

恒等, 2020)。漆斑病是影响三角槭生长的重要病害之一, 主要危害叶片, 形成典型的黑色漆状斑点, 严重时会导致叶片早落, 影响植株正常生长 (林英任等, 2012)。我国已记载的槭属植物漆斑病的病原菌有: 槭斑痣盘菌 *Rhytisma acerinum* (Pers.) Fr., K.、环纹斑痣盘菌 *Rhytisma annuliforme* (Syd., P. Syd. & E. J. Butler) C.L. Hou, Q.T. Wang & P.F. Cannon、点斑痣盘菌 *Rhytisma punctatum* (Pers.) Fr. 和台湾斑痣盘菌 *Rhytisma taiwanense* R. Kirschner, M.J. Guo & C.L. Hou (戴芳澜, 1979; 林英任等, 2012; Wang et al., 2023) 4 个种, 均隶属于斑痣盘菌属。

收稿日期: 2025-07-13; 修回日期: 2025-09-25。

基金项目: 国家自然科学基金项目 (32270012); 安徽省自然科学基金项目 (2208085MC43)。

* 通信作者: 侯成林 (E-mail: chenglin-hou@cnu.edu.cn), 教授。

斑痣盘菌属的起源可追溯至 Persoon(1794)建立的 *Xyloma* 属, 后由 Fries(1819)更名为 *Rhytisma*, 并确立为 Rhytismataceae 科的模式属。在随后的两个世纪中, 共有超过 194 个种及种下单元被描述。然而, 由于许多早期分类是基于未成熟子囊果进行的, 导致大量无关物种(如 Parmularaceae 成员)被误归入内, 造成长期分类混乱。传统分类方法主要依赖于子囊果形态结构和寄主专化性, 存在显著局限性。随着分子系统学的发展, 尤其是 Lantz 等(2011)和 Karakehian 等(2019)的研究, 揭示了 Rhytismataceae 为多系群, 并促使该属重新界定。Wang 等(2023)对全世界漆斑病原菌的系统研究发现, 漆斑病原菌具有明显的寄主专化性, 不同类群在子囊果形态或者开口方式上也具有明显的差异; 并基于此, 建立了多个属以进行分类。例如: 寄生于冬青属植物 *Ilex* spp., 且子囊果近环状开裂的物种为芳澜盘菌属 *Fanglania* C.L. Hou, Q.T. Wang & P.F. Cannon; 寄生于柳属植物 *Salix* spp. 活叶或嫩枝且子囊果单腔室, 呈类圆形、长圆形或不规则形的物种为瘤状盘菌属 *Xyloma* Pers.; 寄生于槭属植物 *Acer* spp. 且子囊果纵向或略不规则裂缝开口的物种为斑痣盘菌属中的 *Rhytisma* Fr.。由于斑痣盘菌属及其近缘类群营养阶段严格的活体寄生特性, 人工培养极为困难(林英任等, 2012)。

近年来, 在安徽省滁州市和安徽农业大学校园里的三角槭落叶上, 观察到大量由漆斑病原菌引起的病害症状。该病原菌通常在 4 月初侵染嫩叶, 30~45 d 后形成病斑; 7—9 月进入无性生长阶段, 10—11 月可观察到分生孢子器逐渐成熟; 11 月至次年 3 月为有性发育阶段, 3 月底至 4 月初子囊果逐渐成熟(侯成林, 1995)。本研究采用多基因系统发育分析和形态学观察相结合的方法, 对上述漆斑病的病原进行了鉴定, 旨在为槭属植物漆斑病的病原真菌识别及有效防治提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 标本采集

标本为患漆斑病的三角槭叶片, 采集自安徽省滁州市琅琊区和合肥市蜀山区市区的行道树。2024 年 7 月底至 8 月初采集 4 份未成熟的标本(此时子囊果内不具有成熟的子囊及子囊孢子), 次年 3 月至 4 月子囊果及分生孢子器成熟时, 再次采集 4 份标本(此时子囊果内具有成熟的子囊及子囊孢子, 分生孢子器内具有分生孢子), 用于后续研究分析。

未成熟的标本采自三角槭活叶片, 采集于安徽省

滁州市琅琊区(32.3047°N, 118.3188°E), 海拔约 236 m, 采集日期为 2024 年 7 月 11 日, 采集人为周长海和王海琪, 编号分别为 HOU 2184 (BJTC 20242184) 和 HOU 2185 (BJTC 20242185); 另一批标本采集于安徽省合肥市安徽农业大学(39.9109°N, 116.4133°E), 海拔约 30 m, 采集日期为 2024 年 8 月 7 日, 采集人为王士娟和侯成林, 编号分别为 HOU 2186 (BJTC 20242186) 和 HOU 2187 (BJTC 20242187)。

成熟标本采自三角槭枯叶片, 采集于安徽省滁州市琅琊区(32.3047°N, 118.3188°E), 海拔约 236 m, 采集日期为 2024 年 4 月 11 日, 采集人为周长海和王海琪, 编号分别为 HOU 2182 (BJTC 20242182) 和 HOU 2183 (BJTC 20242183); 另一批标本采集于安徽省合肥市安徽农业大学(39.9109°N, 116.4133°E), 海拔 30 m, 采集日期为 2025 年 4 月 16 日, 采集人为王士娟和侯成林, 编号分别为 HOU 2308 (BJTC 20252308) 和 HOU 2309 (BJTC 20252309)。

1.2 形态学观察

1.2.1 症状观察

对采集的标本进行观察, 用华为 P40 手机拍摄叶片照片, 同时记录子囊果的分布状况、外观形状、表面颜色、大小、开口方式和线纹有无等特征; 用 Nikon SMZ1000 连续变倍体视显微镜拍摄照片。

1.2.2 病原菌形态特征观察

在 Nikon SMZ1000 连续变倍体视显微镜下, 使用刀片制作切片, 并以蒸馏水做浮载剂制成标本玻片; 随后在 Olympus BX51 光学显微镜下对样本的形态学特征进行观察和拍照, 记录子囊果的埋生位置、子座覆盖层、子座基部层和子实下层的结构组成和薄厚特征, 子座内部基质、唇细胞、拟缘丝和囊盘被是否存在及其形态特征, 以及侧丝、子囊和子囊孢子的形状和大小等。为确保数据的可靠性, 每个结构至少测量 20 个样本。根据记录的数据和拍摄的照片, 手绘子囊果和分生孢子器中点纵切面示意图, 并用 CorelDraw 软件绘制子囊、侧丝和子囊孢子等特征结构示意图。

1.3 系统发育学分析

1.3.1 DNA 提取及序列扩增

根据 Hou 等(2009)的方法, 从子囊果中提取总基因组 DNA。使用 ITS1f/ITS4 引物(White, 1990; Gardes and Brnus, 1993)扩增 ITS (Internal transcribed spacer, 内转录间隔区)区域, LR0R/LR5 引物(White, 1990)扩增 LSU (Large Subunit, 核糖体大亚基)区域, 使用 mtSSU1/mtSSU3R 引物(Zoller et al., 1999)扩增 mtSSU

(Mitochondrial Small Subunit, 线粒体小亚基)区域。PCR反应体系为 25 μ L, 包含 8.5 μ L 双蒸馏水、12.5 μ L 2 \times MasterMix、1.0 μ L 每个引物 (10 μ mol/L) 及 2.0 μ L DNA 模板。反应条件如下: 1) ITS: 94 $^{\circ}$ C 预变性 3 min; 94 $^{\circ}$ C 变性 40 s, 45 $^{\circ}$ C 退火 55 s, 72 $^{\circ}$ C 延伸 1 min, 共 30 个循环; 72 $^{\circ}$ C 终延伸 7 min。2) LSU: 94 $^{\circ}$ C 预变性 3 min; 94 $^{\circ}$ C 变性 45 s, 52 $^{\circ}$ C 退火 45 s, 72 $^{\circ}$ C 延伸 3 min, 共 35 个循环; 72 $^{\circ}$ C 终延伸 10 min。3) mtSSU: 94 $^{\circ}$ C 预变性 3 min; 94 $^{\circ}$ C 变性 1 min, 52 $^{\circ}$ C 退火 1 min, 72 $^{\circ}$ C 延伸 1 min, 共 35 个循环; 72 $^{\circ}$ C 终延伸 7 min。PCR 产物由生工生物工程股份有限公司 (中国上海) 进行纯化、测序和编辑。

1.3.2 系统发育树的构建

基于形态学观察和 ITS 序列分析, 最终 2 个采样

地各选取 1 份成熟的标本 (HOU 2182 和 HOU 2308) 用于系统发育分析和后续研究。通过对 2 份研究标本的序列分析, 发现其与 NCBI (National Center for Biotechnology Information, 美国国家生物技术信息中心) 数据库中环纹斑痣盘菌的序列相似性均高于 99%, 初步鉴定为该物种。为进一步确认其系统分类地位, 将这 2 份标本的序列与 *Rhytisma* 属内其他物种以及亲缘关系较近的 3 个属——*Fanglania*、*Johnstoniella* 和 *Xyloma* 的模式种序列相结合, 构建多基因系统发育树。

参考 Wang 等 (2023) 所使用的相关序列, 依据表 1 所列序列号从 GenBank 下载相应数据, 并与自测序列一并使用 MAFFT (<https://mafft.cbrc.jp/alignment/>)

表 1 本研究系统发育分析所用序列信息表

Tab. 1 Sequence information used for the phylogenetic analysis in this study

物种名 Species name	国家 Country	标本号 Specimen number	寄主 Host plants	ITS	LSU	mtSSU	参考文献 References
<i>Cudoniella clavus</i>	France	AFTOL-ID 166	—	DQ491520	DQ470944	FJ713604	Spatafora et al. (2006)
湖北芳澜盘菌 <i>Fanglania hubeiensis</i>	China	HOU 1406	<i>I. cornuta</i>	OQ944273	OQ944311	OQ944352	Wang et al. (2023)
云南约翰斯顿盘菌 <i>Johnstoniella yunnanensis</i>	China	HOU 943	<i>Lonicera</i> sp.	OQ944275	OQ944313	OQ944354	Wang et al. (2023)
<i>Pezicula carpinea</i>	Korea	KUS-F51029	<i>Carpinus laxiflora</i>	JN033388	JN086691	JN086765	Han et al. (2014)
槭斑痣盘菌 <i>Rhytisma acerinum</i>	Canada	HOU 1056	<i>Acer platanoides</i>	OQ954769	OQ944293	OQ944331	Wang et al. (2023)
槭斑痣盘菌 <i>Rhytisma acerinum</i>	Germany	HOU 1058	<i>A. pseudoplatanus</i>	OQ944148	OQ944295	OQ944332	Wang et al. (2023)
槭斑痣盘菌 <i>Rhytisma acerinum</i>	Germany	HOU 1199	<i>Acer</i> sp.	OQ944150	OQ944297	OQ944334	Wang et al. (2023)
槭斑痣盘菌 <i>Rhytisma acerinum</i>	Germany	HOU 1198	<i>Acer</i> sp.	OQ944149	OQ944296	OQ944333	Wang et al. (2023)
槭斑痣盘菌 <i>Rhytisma acerinum</i>	—	HOU 203	—	GQ253100	FJ495190	—	Wang et al. (2009)
槭斑痣盘菌 <i>Rhytisma americanum</i>	Canada	HOU 1057	<i>A. saccharinum</i>	OQ944147	OQ944294	—	Wang et al. (2023)
环纹斑痣盘菌 <i>R. annuliforme</i>	China	HOU 1258	<i>A. buergerianum</i>	OQ944151	OQ944298	OQ944335	Wang et al. (2023)
环纹斑痣盘菌 <i>R. annuliforme</i>	China	RoKi 2962	<i>A. albopurpurascens</i>	OQ944152	OQ944299	OQ944336	Wang et al. (2023)
环纹斑痣盘菌 <i>R. annuliforme</i>	China	HOU 2182	<i>Acer buergerianum</i>	PX063563	PX063658	PX069840	本研究测序
环纹斑痣盘菌 <i>R. annuliforme</i>	China	HOU 2308	<i>Acer buergerianum</i>	PX063564	PX063659	PX069841	本研究测序
<i>Rhytisma</i> cf. <i>punctatum</i>	Russia	Lantz et al. 414 (UPS)	<i>A. pseudosieboldianum</i>	—	HM140565	HM143838	Lantz et al. (2011)
<i>Rhytisma japonicum</i>	Japan	HOU 1050	<i>Acer</i> sp.	OQ944276	OQ944314	OQ944355	Wang et al. (2023)
点斑痣盘菌 <i>Rhytisma punctatum</i>	Canada	HOU 1064	<i>Acer</i> sp.	OQ944338	OQ944300	OQ944338	Wang et al. (2023)
一种未知的斑痣盘菌属物种 1 <i>Rhytisma</i> sp. 1	Japan	HOU 1049	<i>Acer</i> sp.	OQ944153	OQ944301	—	Wang et al. (2023)
台湾斑痣盘菌 <i>Rhytisma taiwanense</i>	China	RoKi 5090	<i>A. serrulatum</i>	OQ944278	OQ944315	OQ944357	Wang et al. (2023)
柳瘤状盘菌 <i>Xyloma salicinum</i>	Sweden	Lantz 370 (UPS)	<i>Sa. cinerea</i>	—	HM140566	—	Lantz et al. (2011)

注: 表中以加粗标注的物种为模式标本; “—” 表示序列缺失或国家或寄主未明确记载。

Notes: The species marked in bold in the table are type specimens; “—” is used to indicate missing sequence data or unrecorded information regarding country of origin or host plant.

server/)进行对齐,经 Se-Align v.2.03a(Rambaut, 2000)校正后排除模糊区域,用于后续分析。基于 ITS、LSU 与 mtSSU 组合数据集,分别采用最大简约法(Maximum Parsimony, MP)、贝叶斯推断(Bayesian Inference, BI)和最大似然法(Maximum Likelihood, ML)构建系统发育树。

MP 分析使用 PAUP* 4.0b10 进行,通过启发式搜索及 TBR 分支交换,执行 1 000 次随机添加序列,并计算树长(tree length, TL)、一致性指数(consistency index, CI)、保留指数(retention index, RI)、重标一致性指数(Rescaled consistency index, RC)和相似性指数(homoplasy index, HI)。各个节点的置信度通过自举检验(Bootstrap, BP)评估。

BI 分析通过 MrModeltest v.2.3 为各基因选择最优替代模型:ITS 和 LSU 均为 GTR+G, mtSSU 为 HKY+G。随后使用 MrBayes v.3.2.6 运行马尔可夫链蒙特卡罗模拟(MCMC),设置 4 条链、1 000 万代,每 100 代采样 1 次,在分裂频率(split frequencies)的平均标准偏差小于 0.01 时终止,弃去前 25% 老化样本,基于剩余样本计算后验概率(PP)。

ML 分析在 IQ-TREE 2.2.0 中进行,各基因替代模型分别为 TNe+FQ+G4(ITS)、TN+F+G4(LSU)和 HKY+F+G4(mtSSU),并将自助法重复样本值(Bootstrap replicates)设置为 1 000,以获得自举检验值(Bootstrap)。

本研究仅考虑 ML 分析中自举检验值(MLB)≥70% 支持的类群,MP 分析中自举检验值(MPB)≥70% 支持的类群,以及贝叶斯后验概率(PP)≥95% 支持的类群。系统发育树使用 FigTree v1.4.3 可视化,并通过 CoreDRAW X4 进行优化排版。

2 结果与分析

2.1 形态学特征

Rhytisma annuliforme (Syd., P. Syd. & E. J. Butler) C.L. Hou, Q.T. Wang & P.F. Cannon(图 1、图 2)

子囊果伴随分生孢子器出现,分散分布,有时与其他子囊果或分生孢子器融合,形成多室子实体。子囊果的外部形态与分生孢子器相似,但体积更大,直径为 1 100~2 500 μm,明显凸起,并通过多个不规则的裂缝开口。在垂直切面中,子囊果为角质层下至表皮内生,有时包含一些被真菌组织严重侵染的表皮细胞残余,深度为 120~250 μm。覆盖层厚 27~35 μm,由直径为 4~9 μm 的细胞组成;基底层发育较弱,由黑褐色圆胞组织构成;子实层下层厚 14~30 μm,由直径为 3~4 μm 的细胞组成,形成不明显的圆胞组织或薄

壁丝组织。侧丝线性,短于或稍长于子囊,宽约 1 μm,顶部不膨大,不分枝,子实层成熟后侧丝消失或者不易观察。子囊大部分同步成熟,偶见未成熟子囊,呈棒状至圆柱形,具柄,壁薄,大小为(80~130) μm×(12~16) μm。子囊孢子在于囊内排列成 1~2 行,大小为(12.0~21.0) μm×(4.5~5.5) μm,椭圆形至倒卵形,偶尔为圆柱形至肾形,无色,无隔,壁薄,光滑,通常带有 2 个直径 3~4 μm 的大油滴,分别位于孢子的两端,孢子具不明显胶质鞘。

分生孢子器在绿色叶片的上表面先于或与子囊果同时出现,分散在不规则的淡黄色斑块中。外部圆形至不规则形,黑色,有光泽,明显凸起于基质表面,直径为 300~1 100 μm,中央区域通常较为扁平,通过不规则的裂缝开口。在垂直切面中,分生孢子器位于表皮下方或表皮内,深度为 90~250 μm。上壁黑色,厚度为 22~30 μm,有时包含一些被真菌组织严重侵染的表皮细胞残余,细胞直径为 4~9 μm;下壁未变黑,由直径为 3~4 μm 的球状或角状细胞构成,厚度为 15~22 μm,分生孢子梗由此产生。产孢细胞无色,壁薄,光滑,直接从下壁或通过无隔的分生孢子梗产生,大小为(6.0~16.0) μm×(1.5~2.5) μm,圆柱形,但向顶端渐细,中部偶尔膨大,常带有宽 1~2 μm 的囊领。分生孢子无色,壁薄,无隔,光滑,椭圆形或远端略宽,大小为(3.0~4.0) μm×(1.5~2.0) μm,通过顶端连续增殖或有时渐进增殖的方式,从每个产孢细胞的顶端依次产生。

线纹未见。

2.2 系统发育分析

基于组合的 ITS、LSU 和 mtSSU rDNA 矩阵,对斑痣盘菌目的 18 个物种进行系统发育分析,以 *Cudoniella clavus* (Alb. & Schwein.) Dennis 和 *Pezicula carpinea* (Pers.) Tul. ex Fuckel 作为外类群,删除无法比对的区域后,组合矩阵共包含 2 084 个碱基位点。序列的最大简约法分析得到一个最简约树(图 3),TL 为 1 298,CI 为 0.699,RI 为 0.740,HI 为 0.301,RC 为 0.517。单个位点的系统发育树具有类似的拓扑结构。

在系统发育树上,标本 HOU 2182、HOU 2308 的序列与环纹斑痣盘菌以高支持聚在一支(MLB = 98,MPB = 100,PP = 1.00),见图 3。因此,该菌被鉴定为环纹斑痣盘菌。

3 讨论

本研究基于形态学与系统发育分析,将采自安徽省滁州市和合肥市三角槭叶片上的漆斑病标本鉴

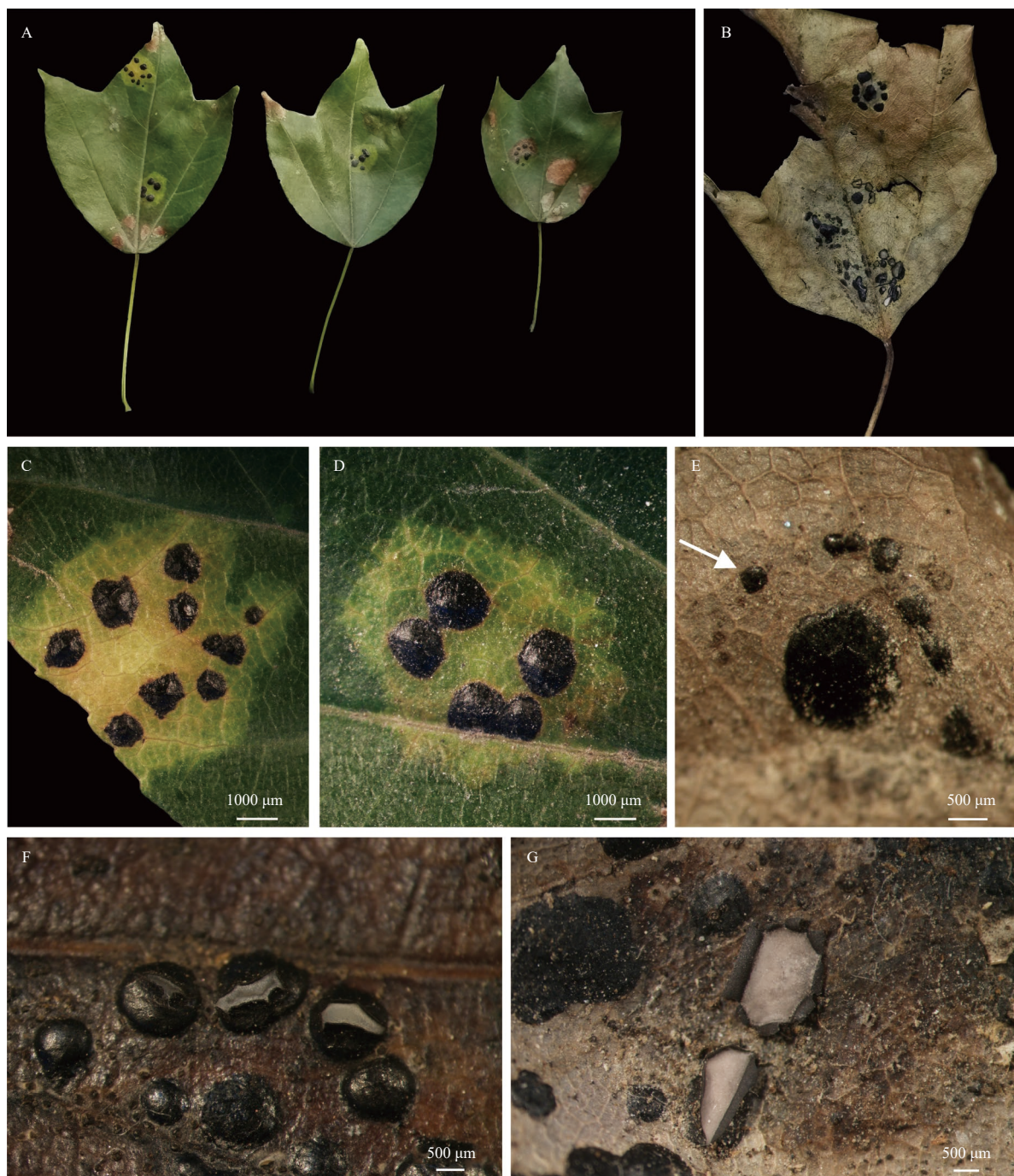


图 1 生长在三角槭活叶和枯叶上的 *Rhytisma annuliforme* (BJTC 20242182)

Figure 1. *Rhytisma annuliforme* on living and dead leaves of *Acer buergerianum* (specimen BJTC 20242182)

注: A、C-D. 三角槭活叶片上产生的病害典型症状, 黑色的小斑块为未成熟的子囊果; B. 三角槭枯叶上成熟的子囊果; E. 三角槭枯叶上成熟的子囊果和分生孢子器, 箭头所指为分生孢子器; F-G. 三角槭叶片上的成熟的子囊果露出子实层。

Notes: A、C-D. Typical symptoms of the disease on a living leaf of *Acer buergerianum*, the small black patches are immature ascomata; B. Mature ascomata on a dead leaf of *Acer buergerianum*; E. Mature ascomata and a conidioma (indicated by an arrow) on a dead leaf of *Acer buergerianum*; F-G. Mature ascomata on a leaf of *Acer buergerianum* exposing the hymenium.

定为环纹斑痣盘菌。Sydow 等 (1911) 曾依据其形态特征将该菌暂置于裂盾菌属 *Schizothyrium*, 命名为环纹裂盾菌 *Schizothyrium annuliforme* Syd., P. Syd. & E.J. Butler。Cannon 等 (1986) 依据其大型黑色子囊果、辐射状开裂方式及具长柄的子囊等特征, 将其转移至斑痣盘菌科 Rhytismataceae, 并更名为环状符氏盘菌

Vladracula annuliformis (Syd., P. Syd. & E.J. Butler) P.F. Cannon, Minter & Kamal。Wang 等 (2023) 基于 nrLSU 与 mtSSU 序列的系统发育分析, 将寄生于槭属植物叶片上的物种归于 *Rhytisma* 属, 因此将 *V. annuliformis* 处理为 *R. annuliformis* 的异名。由于该种模式标本 (1903 年采自印度) 已损毁, 无法获取分子数据, Wang 等

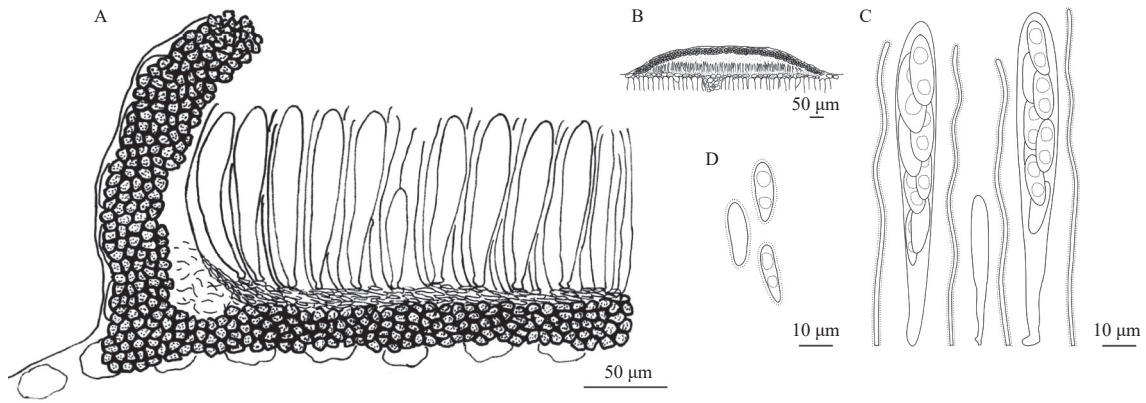


图2 *Rhytisma annuliforme* (BJTC 20242182) 的微观形态特征
Fig. 2 Microscopic characteristics of *Rhytisma annuliforme* (BJTC 20 242 182)

注: A. 子囊果纵切图; B. 分生孢子器纵切图; C. 含有子囊孢子的成熟子囊及未成熟的子囊; D. 子囊孢子。

Notes: A. Part of an ascus in vertical section; B. Vertical section of a conidioma; C. Mature asci containing ascospores and an immature ascus; D. Ascospores.

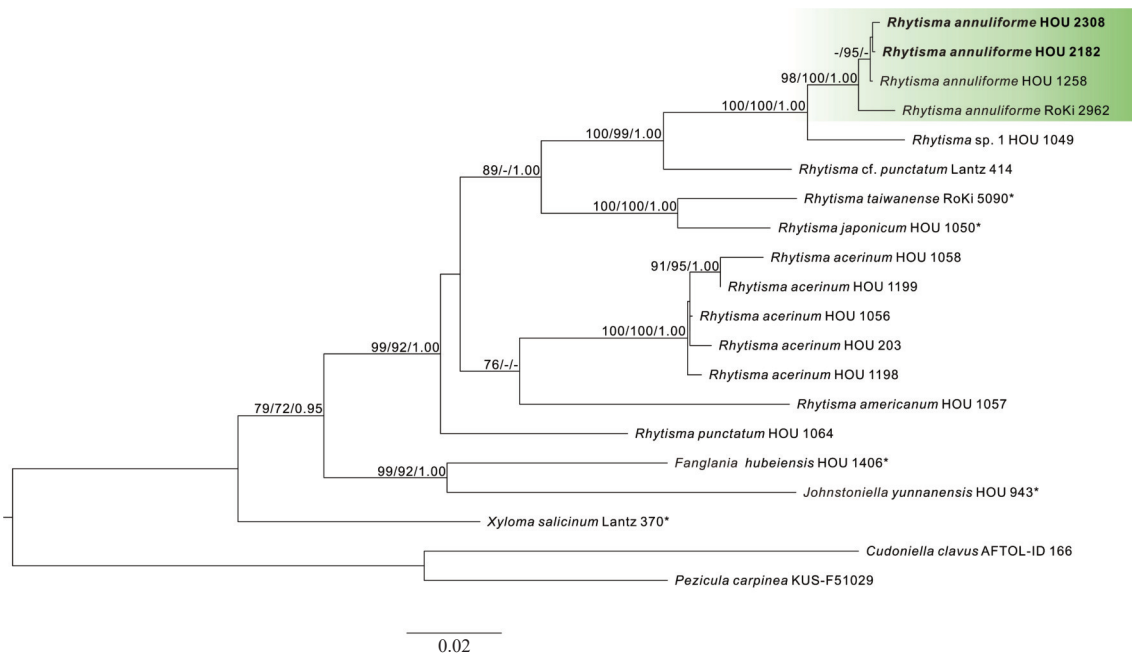


图3 基于 ITS、LSU 和 mtSSU 基因序列构建的系统发育树

Fig. 3 Phylogenetic tree constructed from the combined sequences of ITS, LSU and mtSSU

注: 系统发育树以 *Cudoniella clavus* (Alb. & Schwein.) Dennis 和 *Pezicula carpinea* (Pers.) Tul. ex Fuckel 作为外类群, MBL \geq 70%, MBP \geq 70%, PP \geq 95% 的支持值分别被标注于分支上。“*”代表为模式标本的序列, 加粗代表本研究采集的标本, 绿色框为本研究中采集标本的序列所在的分支。

Notes: The phylogenetic tree was rooted with *Cudoniella clavus* (Alb. & Schwein.) Dennis and *Pezicula carpinea* (Pers.) Tul. ex Fuckel as the outgroup. Support values (MBL \geq 70%, MBP \geq 70%, PP \geq 95%) are indicated on the branches. “*” denotes sequences from type specimens. Sequences generated in this study are shown in bold. The clade containing the sequences from the specimens obtained in this study is highlighted with a green box.

(2023)利用我国台湾省紫白槭 *Acer albopurpurascens* Hayata 上的标本(寄主同属全缘叶槭组)进行了系统发育重建, 确认其分类地位。本研究通过形态比较和分子数据对比, 进一步支持标本 HOU 2182 与 HOU 2308 与 *R. annuliformis* 为同一物种。

对安徽省滁州市和合肥市三角槭漆斑病的病原菌进行了鉴定, 确定其病原菌为环纹斑痣盘菌。本研究详细描述了该病原菌的形态特征与发育过程, 为病害诊断提供依据, 对三角槭漆斑病的监测与防治具有重要的理论意义与实践价值。

4 结论

本研究基于形态学特征与多基因系统发育分析,

参 考 文 献

褚敏, 程甜甜, 黄华, 等. 2020. 槭属植物病虫害研究进展[J]. 现代农业科

- 技(20): 100–102, 105.
- Chu M, Cheng T T, Huang H, *et al.* 2020. Research progress on diseases and pests of *Acer*[J]. *Modern Agricultural Science and Technology*, (20): 100–102, 105. (in Chinese)
- 戴芳澜. 1979. 中国真菌总汇[M]. 北京: 科学出版社.
- Dai F L. 1979. *Sylloge fungorum sinicorum*[M]. Beijing: Science Press. (in Chinese)
- 侯成林. 1995. 三角枫漆斑病病原菌的研究[J]. *浙江林学院学报*, 12(3): 268–270.
- Hou C L. 1995. Study on pathogenic fungi of *Acer buergerianum* leaf spot[J]. *Journal of Zhejiang Forestry College*, 12(3): 268–270. (in Chinese)
- 胡丰林. 2004. 安徽省一些用材树种鲜叶提取物清除 DPPH 自由基的活性初探[J]. *安徽农业大学学报*, 31(2): 197–202.
- Hu F L. 2004. Free radical scavenging activity of extracts from fresh leaves of some timber trees in Anhui Province[J]. *Journal of Anhui Agricultural University*, 31(2): 197–202. (in Chinese)
- 柯病凡, 江泽慧, 王传贵, 等. 1994. 珍稀及待开发树种材性及用途的研究[J]. *安徽农业大学学报*, 21(4): 381–428.
- Ke B F, Jiang Z H, Wang C G, *et al.* 1994. Timber qualities and uses of rare wood species and trees to be developed[J]. *Journal of Anhui Agricultural University*, 21(4): 381–428. (in Chinese)
- 林英任, 刘和云, 侯成林, 等. 2012. 中国真菌志: 斑痣盘菌目[M]. 北京: 科学出版社.
- Lin Y R, Liu H Y, Hou C L, *et al.* 2012. *Flora fungorum sinicorum: Rhytismatales*[M]. Beijing: Science Press. (in Chinese)
- 刘盛全. 1994. 刺楸等五种树种木材声学指标及相关性质的研究[J]. *安徽农业大学学报*, 21(3): 375–378.
- Liu S Q. 1994. Study on wood acoustic indexes and related properties of five tree species such as *Kalopanax septemlobus*[J]. *Journal of Anhui Agricultural University*, 21(3): 375–378. (in Chinese)
- 陆瑞利, 胡丰林, 何云核. 2003. 一些常见的行道树鲜叶清除自由基活性的研究[J]. *安徽农业大学学报*, 30(2): 193–196.
- Lu R L, Hu F L, He Y H. 2003. Free radical scavenging activity of the FreshLeaves of some shade trees[J]. *Journal of Anhui Agricultural University*, 30(2): 193–196. (in Chinese)
- 马进, 王小德. 2005. 天目山槭树植物种质资源与开发价值评价[J]. *长江大学学报(自科版)*, 2(5): 35–36, 45, 110.
- Ma J, Wang X D. 2005. The germplasm resource of maple species and assessment of their exploitations and utilization in tianmu mountain[J]. *Journal of Yangtze University (Natural Science Edition)*, 2(5): 35–36, 45, 110. (in Chinese)
- 乔勇进, 许景伟, 谢韶颖, 等. 2004. 槭树资源及其在山东园林建设中的应用[J]. *防护林科技*(5): 50–51.
- Qiao Y J, Xu J W, Xie S Y, *et al.* 2004. Application of maple to garden greening in Shandong[J]. *Protection Forest Science and Technology*, (5): 50–51. (in Chinese)
- 邱业先, 陈尚研, 杜天真, 等. 2003. 几种槭树科植物叶蛋白酶活性的季节变化[J]. *江西农业大学学报*, 25(5): 652–655.
- Qiu Y X, Chen S X, Du T Z, *et al.* 2003. Seasonal changes of leaf protease activity in several varieties of maple family[J]. *Acta Agriculturae Universitatis Jiangxiensis*, 25(5): 652–655. (in Chinese)
- 任海青, 刘秀梅, 訾兴中. 1994. 三角枫木材材性及用途的研究[J]. *安徽农业大学学报*, 21(3): 370–374.
- Ren H Q, Liu X M, Zi X Z. 1994. Wood qualities and uses of ya maple[J]. *Journal of Anhui Agricultural University*, 21(3): 370–374. (in Chinese)
- 童贯和. 2002. SO₂ 污染对树木叶片中可溶性糖及叶绿素含量的影响[J]. *淮北煤师院学报(自然科学版)*, 23(2): 55–57.
- Tong G H. 2002. The impact of SO₂ pollution upon the dissoluble sugar and the content of chlorophyll of *Lamina*[J]. *Journal of Huaibei Industry Teachers College (Natural Sciences Edition)*, 23(2): 55–57. (in Chinese)
- 魏希颖, 梁健. 2005. 有潜在药用价值的元宝枫等槭属植物[J]. *中药材*, 28(3): 176–177.
- Wei X Y, Liang J. 2005. *Acer* plants with potential medicinal value such as *Acer truncatum*[J]. *Journal of Chinese Medicinal Materials*, 28(3): 176–177. (in Chinese)
- 许珈欢. 2017. 三七的组织培养与多倍体诱导初步研究及三角槭的叶绿体全基因组测序[D]. 昆明: 昆明理工大学.
- Xu J H. 2017. The Tissue Culture of *Panax notoginseng* and Polyploid Induction and the Complete Chloroplast Genome Sequence of *Acer buergerianum*[D]. Kunming: Kunming University of Science and Technology. (in Chinese)
- 杨志恒, 孙艳, 林博, 等. 2020. 10 种槭属植物的生态适应性评价[J]. *贵州农业科学*, 48(9): 103–108.
- Yang Z H, Sun Y, Lin B, *et al.* 2020. Evaluation on ecological adaptability of ten *Acer* species[J]. *Guizhou Agricultural Sciences*, 48(9): 103–108. (in Chinese)
- Cannon P F, Minter D W. 1986. The Rhytismataceae of the Indian subcontinent[M]. Wallingford: Centre for Agricultural Bioscience International.
- Fries E M. 1819. Uppställning af de i Sverige funne Vårtsvampar (Scleromyci)[J]. *Kungl Svenska Vetenskapsakademiens Handlingar Ser*, 3(40): 87–112.
- Gardes M, Bruns T D. 1993. ITS primers with enhanced specificity for basidiomycetes: Application to the identification of mycorrhizae and rusts[J]. *Molecular Ecology*, 2(2): 113–118.
- Han J G, Hosoya T, Sung G H, *et al.* 2014. Phylogenetic reassessment of *Hyaloscyphaceae* sensu lato (*Helotiales*, *Leotiomycetes*) based on multigene analyses[J]. *Fungal Biology*, 118(2): 150–167.
- Hou C L, Li L, Piepenbring M. 2009. *Lophodermium pini-mugonis* sp. nov. on needles of *Pinus mugo* from the Alps based on morphological and molecular data[J]. *Mycological Progress*, 8(1): 29–33.
- Karakehian J M, Quijada L, Friebe G, *et al.* 2019. Placement of Tribliidaeace in Rhytismatales and comments on unique ascospore morphologies in Leotiomycetes (Fungi, Ascomycota)[J]. *MycoKeys*, 54: 99–133.
- Lantz H, Johnston P R, Park D, *et al.* 2011. Molecular phylogeny reveals a core clade of Rhytismatales[J]. *Mycologia*, 103(1): 57–74.
- Persoon C H. 1794. *Dispositio Methodica Fungorum*[J]. *Neues Magazin für die Botanik*, 1: 81–155.
- Rambaut A. 2000. Estimating the rate of molecular evolution: incorporating

- non-contemporaneous sequences into maximum likelihood phylogenies[J]. *Bioinformatics*, 16(4): 395–399.
- Spatafora J W, Sung G H, Johnson D, *et al.* 2006. A five-gene phylogeny of pezizomycotina[J]. *Mycologia*, 98(6): 1018–1028.
- Sydow H, Sydow P, Butler E J. 1911. Fungi indine orientalis[J]. *Annales Mycologici*, 9(1): 372–421.
- Wang M M, Jin L T, Jiang C X, *et al.* 2009. *Rhytisma huangshanense* sp. nov. described from morphological and molecular data[J]. *Mycotaxon*, 103: 73–82.
- Wang Q T, Guo M J, Lyu T, *et al.* 2023. Phylogeny and taxonomy of *Rhytisma*-like species worldwide[J]. *Fungal Diversity*, 120(1): 77–119.
- White T J. 1990. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics[M]. New York: Academic Press.
- Zoller S, Scheidegger C, Sperisen C. 1999. Pcr primers for the amplification of mitochondrial small subunit ribosomal DNA of lichen-forming ascomycetes[J]. *The Lichenologist*, 31(5): 511–516.