



王宗华

博士，研究员，现任闽江学院校长、福建省植物病理学会理事长、国际稻瘟病科学委员会委员，任 *Molecular Plant Pathology* 副主编。从事分子植物病理学、真菌遗传学等方面的研究近 40 年，主持或参加多个国家和省部级科研项目，获得国家 and 省部级成果奖励 4 项。



胡红莉

福建农林大学植物保护学院讲师，博士，硕士生导师。中国菌物学会会员，福建省植物病理学会理事及副秘书长。从事植物真菌，特别是植物病原真菌(包括类拟盘多毛孢属真菌、炭疽菌和痂囊腔菌等)的资源与系统发育研究 10 余年，近年来开始真菌的全基因组研究。主持国家青年基金项目 1 项。以第一作者或通讯作者发表 SCI 论文 10 余篇。

枫香叶斑病病原菌

范绍斌¹，苏济钰¹，方甜¹，潘爱芳²，何学友³，樊改丽⁴，王宗华^{1,5*}，胡红莉^{1*}

- 1 福建农林大学 植物保护学院，福建 福州 350002
- 2 福州植物园，福建 福州 350012
- 3 福建省林业科学研究院，福建 福州 350012
- 4 厦门市绿化中心，福建 厦门 361004
- 5 闽江学院 海洋研究院，福建 福州 350108

摘 要：从福建多地采集了 55 份感染叶斑病的枫香植物病样，包含叶片、叶柄、枝条和树皮。通过分离纯化得到了 12 个类拟盘多毛孢属真菌菌株，综合形态特征以及 3 个基因(ITS、 β -tubulin 和 *tef1*)的分子系统发育分析结果，分别鉴定为 *Neopestalotiopsis cocoes*、*N. chrysea*、*Pestalotiopsis neglecta* 和 *P. neolitseae*，均为枫香上首次报道，其中 *N. cocoes* 在国内首次被发现。通过柯赫氏法则验证，

基金项目：国家自然科学基金(31800008)；枫香主要病虫害防治研究(闽林科[2016]3 号)；福建农林大学科技发展及科技创新专项基金项目(CXZX2016137)；福建省住房和城乡建设系统 2017 年第一批科学技术项目(2017-K-90)

Supported by the National Natural Science Foundation of China (31800008), the Survey and Integrated Control Techniques of Sweetgum Tree Diseases and Pests (Minlinke[2016]No.3), the FAFU Technology and Innovation Project (CXZX2016137), and the First Batch of Scientific and Technological Projects of Fujian Housing and Urban-Rural Construction System in 2017 (2017-K-90).

*Corresponding authors. E-mail: huhongli7905@gmail.com, zonghuaw@126.com

Received: 2021-09-16, accepted: 2021-11-01

发现 *N. cocoës* 能够侵染叶片、叶柄和枝条, *N. chrysea* 能侵染叶片和枝条, *P. neglecta* 能侵染叶柄和枝条, 而 *P. neolitseae* 不能侵染枫香植物组织。

关键词: 枫香树; 叶部病害; 类拟盘多毛孢真菌; 形态类型; 多基因系统发育分析

[引用本文] 范绍斌, 苏济钰, 方甜, 潘爱芳, 何学友, 樊改丽, 王宗华, 胡红莉, 2022. 枫香叶斑病原菌. 菌物学报, 41(3): 420-434

Fan SB, Su JY, Fang T, Pan AF, He XY, Fan GL, Wang ZH, Hu HL, 2022. Pathogen of *Liquidambar formosana* leaf spot. Mycosystema, 41(3): 420-434

Pathogen of *Liquidambar formosana* leaf spot

FAN Shaobin¹, SU Jiyu¹, FANG Tian¹, PAN Aifang², HE Xueyou³, FAN Gaili⁴,
WANG Zonghua^{1,5*}, HU Hongli^{1*}

1 College of Plant Protection, Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou 350002, Fujian, China

2 Fuzhou Botanical Garden, Fuzhou 350012, Fujian, China

3 Fujian Academy of Forestry, Fuzhou 350012, Fujian, China

4 Xiamen Greening Administration Center, Xiamen 361004, Fujian, China

5 Institute of Oceanography, Minjiang University, Fuzhou 350108, Fujian, China

Abstract: Fifty-five samples of leaves, petioles, branches and bark of *Liquidambar formosana* infected with leaf spot were collected from several places of Fujian Province, China. Totally 12 isolates of *Pestalotiopsis*-like fungi were obtained. Based on phylogenetic analysis of ITS, β -tubulin and *tefl* genes in combination with morphological characters, the isolates were identified as *Neopestalotiopsis cocoës*, *N. chrysea*, *Pestalotiopsis neglecta* and *P. neolitseae*. These species are first reported on *Liquidambar formosana*, among which *N. cocoës* is first reported in China. The results of Koch's postulates showed that *N. cocoës* could infect the leaves, petioles and branches, *N. chrysea* could infect the leaves and branches and *P. neglecta* could infect the petioles and branches, but *P. neolitseae* appeared to be nonpathogenic.

Keywords: *Liquidambar formosana*; leaf disease; *Pestalotiopsis*-like fungi; morphological type; multi-loci phylogenetic analyses

枫香 *Liquidambar formosana* Hance 又名枫香树, 落叶乔木, 应用价值非常高, 在维护地力、观赏、用材和药用等方面都有重要价值(潘爱芳等 2018)。随着种植面积的不断扩大, 枫香的病害逐渐加重, 其叶部病害包括漆斑病、黑斑病和白粉病等(李超飞等 2012)。近年来, 福建多地枫香叶斑病频发, 其叶片、叶柄和枝条等部位呈现褐色斑点, 导致枫香叶片不正常变色和提前落叶, 大大影响了枫香的观赏性。

近几年, 本研究室从福建省林业科学研究院、福州国家森林公园和宁德市霞浦县榕枫公园等地采集了 55 份枫香感病组织样品, 通过分离纯化, 得到 6 个炭疽菌菌株(朱仰艳等 2019)和 12 个类拟盘多毛孢属真菌菌株。类拟盘多毛孢属真菌是重要的植物病原真菌, 包括拟盘多毛孢属 *Pestalotiopsis*、新拟盘多毛孢属 *Neopestalotiopsis* 和假拟盘多毛孢属 *Pseudopestalotiopsis* (Maharachchikumbura *et al.* 2014)真菌, 可以引起

茶轮斑病(李冬雪等 2018)、山茶灰斑病(张晓勇等 2019)、水杉赤枯病(匙明强等 2013)和莲雾软腐病(陈前等 2015)等。目前在枫香上已经报道的类似盘多毛孢属真菌有 3 个种: *Neopestalotiopsis foedans* (葛起新等 2009)、*Pestalotiopsis mangiferae* (Lu *et al.* 2000)和 *P. toxica* (葛起新等 2009)。*N. foedans* 已报道有 ITS、 β -tubulin、*tefl* 基因的序列信息和形态特征描述(Maharachchikumbura *et al.* 2012), *P. mangiferae* 有 ITS 序列信息(<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>)和形态特征描述(葛起新等 2009), 而 *P. toxica* 只有形态特征描述(葛起新等 2009)。此外, 枫香上报道的类似盘多毛孢属真菌是否为病原菌在相关文献中尚未提及。

本研究结合形态学特征观察与 3 个基因的系统发育分析结果对这些类似盘多毛孢属真菌进行种类鉴定, 结果可为今后枫香叶斑病的绿色防控提供相关依据。

1 材料与方 法

从枫香上分离和纯化获得了 12 个类似盘多毛孢属真菌菌株, 进行形态特征观察和基于 3 个基因的系统发育分析。

1.1 形态特征观察和初步鉴定

观察记录菌株在 PDA 培养基上培养 7 d 后的培养性状(生长直径、颜色、质地和是否产孢等); 体视显微镜下的子实体形态特征; 显微镜下的分生孢子盘、分生孢子梗、产孢细胞和分生孢子(大小、颜色和形状)等的形态特征。根据形态特征, 查阅相关的鉴定资料(Maharachchikumbura *et al.* 2014)进行初步鉴定。

1.2 系统发育分析和鉴定

参考朱仰艳等(2019)的 DNA 提取、PCR 扩增等方法并略有改动。本研究用的 3 对引物分别是: ITS (ITS1-F 和 ITS4) (White *et al.* 1990; Gardes & Bruns 1993)、 β -tubulin (Bt2a 和 Bt2b)

(Glass & Donaldson 1995)和 *tefl* (EF1-728F 和 EF2) (O'Donnell *et al.* 1998; Carbone & Kohn 1999), PCR 扩增结束后进行 1% 的琼脂糖凝胶电泳检测, PCR 扩增产物送至生工生物工程(上海)股份有限公司进行测序。用 BioEdit v7.1.3 软件(Hall 1999)打开序列文件(双峰或杂峰序列舍弃), 检查并校正碱基的读取。在 NCBI 数据库中, 通过 BLAST (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>)比对来查找同源性和相似度较高的序列, 结合前期的形态学观察将所获菌株初步鉴定到属。从 NCBI 上选取相似度和可信度较高且已发表文章的参考序列, 同时选取近期关于类似盘多毛孢属真菌系统发育分析较全面的部分序列(Maharachchikumbura *et al.* 2014; Norphanphoun *et al.* 2019)用于系统发育分析(表 1)。

用 ClustalX 1.83 (Larkin *et al.* 2007)进行 DNA 的多重序列比对后用 BioEdit v7.1.3 进行手动校正; 使用 PhyloSuite v1.2.1 (Zhang *et al.* 2020)中的 ModelFinder 选项来选择 ITS、 β -tubulin、*tefl* 基因的最佳核苷酸替换模型, 用 MrBayes v.3.2 (Ronquist *et al.* 2012)构建单基因贝叶斯系统发育树(Bayesian inference, BI), 用 IQ-TREE 1.5.5 (Nguyen *et al.* 2015)构建单基因最大似然树(maximum likelihood, ML)。

使用 PhyloSuite v1.2.1 中的 Concatenate Sequence 选项将 3 个单基因序列组合拼接成 3 个双基因序列和 1 个三基因序列, 通过 Partitionfinder2 选项对每个基因的最佳核苷酸替换模型及相关参数进行计算, 用 MrBayes v.3.2 构建双基因和三基因联合的贝叶斯系统发育树, 用 IQ-TREE 1.5.5 构建双基因和三基因联合的最大似然树。

生成的所有系统发育树用 Figtree v.1.4.0 (<http://tree.bio.ed.ac.uk/software/figtree/>)软件打开适当调节后, 在 Adobe Acrobat DC 与 PowerPoint 软件中进行编辑和美化。

表 1 用于构建系统发育树的参考序列信息

Table 1 The reference sequence used for building phylogenetics tree

种名 Species names	菌株号 Strain numbers	基因登录号 GenBank accession numbers		
		ITS	β -tubulin	tefl
<i>Pestalotiopsis aggestorum</i>	LF1308*	KX895015	KX895348	KX895234
<i>P. algeriensis</i>	SD077	JQ683718	JQ683702	JQ683734
<i>P. australasiae</i>	CBS 114126*	KM199297	KM199409	KM199499
<i>P. biciliata</i>	CBS 124463*	KM199308	KM199399	KM199505
<i>P. colombiensis</i>	CBS 118553*	KM199307	KM199421	KM199488
<i>P. chamaeropsis</i>	CBS 186.71*	MH860058	KM199391	KM199473
<i>P. clavata</i>	MFLUCC 12-0268*	JX398990	JX399025	JX399056
<i>P. calabae</i>	PSHI2004Endo442	DQ789383	DQ657891	-
<i>P. dilucida</i>	LC3232*	KX894961	KX895293	KX895178
<i>P. hollandica</i>	CBS 265.33*	KM199328	KM199388	KM199481
<i>P. hainanensis</i>	CNU060362	GQ869902	GQ869905	-
<i>P. jinchanghensis</i>	LF1281*	KX895028	KX895361	KX895247
<i>P. keniana</i>	CBS 442.67*	KM199302	KM199395	KM199502
<i>P. licualacola</i>	HGUP4057*	KC492509	KC481683	KC481684
<i>P. lespedezae</i>	YY12A	EF055206	EF055243	-
<i>P. lushanensis</i>	YH198*	KX895005	KX895337	KX895223
<i>P. mangiferae</i>	PM	MN888956	-	-
<i>P. microspora</i>	RA1-2	JN314418	JN314419	-
<i>P. monochaeta</i>	CBS 144.97*	KM199327	KM199386	KM199479
<i>P. neolitseae</i>	NTUCC 17-011*	MH809383	MH809387	MH809391
<i>P. neglecta</i>	TAP99M112	AB482211	AB453882	AB453853
<i>P. oryzae</i>	CBS 353.69*	KM199299	KM199398	KM199496
<i>P. palustris</i>	TAP99M106	AB482215	AB453862	AB453854
<i>P. photinicola</i>	GZCC 16-0028*	KY092404	KY047663	KY047662
<i>P. rhodomyrtus</i>	LC3413	KX894981	KX895313	KX895198
<i>P. rhododendri</i>	IFRDCC 2399*	KC537804	KC537818	KC537811
<i>P. sinensis</i>	ML-TEZ	HM535732	HM573267	-
<i>P. shorea</i>	MFLUCC12-0314*	KJ503811	KJ503814	KJ503817
<i>P. telopeae</i>	CBS 114137	KM199301	KM199469	KM199559
	CBS 113606	KM199295	KM199402	KM199498
<i>P. trachicarpicola</i>	OP143	KC537809	KC537823	KC537816
<i>P. uvicola</i>	UCD2465TX	FJ790874	GU294730	GU294716
<i>P. neolitseae</i>	FX9	MK026901	OK746270	OK746258
<i>P. neglecta</i>	FX21	MK026902	OK746269	OK746257
<i>Neopestalotiopsis aotearoa</i>	CBS 367.54*	KM199369	KM199454	KM199526
<i>N. asiatica</i>	MFLUCC 12-0585	KX816923	KX816951	KX816893
	MFLUCC 12-0286*	JX398983	JX399018	JX399049
<i>N. chrysea</i>	NN047037	JX398986	JX399021	JX399052
	NN042855*	JX398985	JX399020	JX399051
<i>N. clavispora</i>	NN043011	JX398978	JX399013	JX399044
	NN043133*	JX398979	JX399014	JX399045
<i>N. cocoes</i>	MFLUCC 15-0152*	KX789687	-	KX789689
<i>N. ellipsospora</i>	CBS 115113	KM199343	KM199450	KM199544
	GZCC 15-0086	KU500018	KU500011	KU500014

待续

续表 1

<i>N. foedans</i>	CGMCC 3.9123*	JX398987	JX399022	JX399053
<i>N. formicarum</i>	CBS 362.72*	KM199358	KM199455	KM199517
<i>N. magna</i>	MFLUCC 12-652*	KF582795	KF582793	KF582791
<i>N. piceana</i>	CBS 394.48*	KM199368	KM199453	KM199527
<i>N. protearum</i>	CBS 114178*	LT853103	KM199463	KM199542
<i>N. rosicola</i>	CFCC 51992*	KY885239	KY885245	KY885243
<i>N. umbrinospora</i>	MFLUCC 12-0285*	JX398984	JX399019	JX399050
<i>N. chrysea</i>	FX12	MK026889	OK746280	OK746268
<i>N. cocoës</i>	FX1	MK026768	OK746275	OK746262
<i>N. cocoës</i>	FX2	MK028674	OK746278	OK746260
<i>N. cocoës</i>	FX7	MK026887	OK746273	OK746265
<i>N. cocoës</i>	FX13	MK026890	OK746276	OK746264
<i>N. cocoës</i>	FX16	MK026893	OK746277	OK746266
<i>N. cocoës</i>	FX20	MK026895	OK746274	OK746267
<i>N. cocoës</i>	FX25	MK026897	OK746279	OK746263
<i>N. cocoës</i>	FX26	MK026898	OK746271	OK746259
<i>N. cocoës</i>	FX27	MK026899	OK746272	OK746261
<i>Pseudopezalotiopsis ampullaceae</i>	LC6618*	KX895025	KX895358	KX895244
<i>Ps. avicenniae</i>	MFLUCC 17-0434*	MK764287	MK764353	MK764331
<i>Ps. jiangxiensis</i>	LC4479*	KX895034	KX895343	KX895229
<i>Ps. myanmarina</i>	NBRC 112264*	LC114025	LC114045	LC114065
<i>Seiridium phylicae</i>	CPC 19962	LT853092	LT853239	LT853189

注：*代表模式菌株；本研究中的菌株用粗体表示
Note: * Stands for type strains; strains in this study are in bold.

1.3 柯赫氏法则验证

选取 4 种类拟盘多毛孢属真菌的部分菌株 [*P. neolitseae* (FX9)、*P. neglecta* (FX21)、*N. chrysea* (FX12)和 *N. cocoës* (FX16)]对枫香进行了致病性鉴定。收集成熟的分生孢子，制成浓度为 3×10⁶ 孢子/mL 的孢子悬浮液。选取健康的枫香叶片、叶柄和枝条，用 75%乙醇进行表面消毒处理，再用无菌的 20 μL 枪头对其表面进行轻微造伤，随后取制作好的孢子悬浮液滴加在造伤处，叶片接 3 个点，每个点接 10 μL；叶柄接 1 个点，每个点接 3 μL；枝条接 1 个点，每个点接 5 μL；每个处理 3 组重复，以无菌水接种作为空白对照。将其放入 25 ℃恒温培养箱中保湿培养，观察并记录 7 d 后的发病情况，取病健交界处的植物组织，按植物组织分离培养法，再次培养和鉴定病原菌。

2 结果与分析

2.1 病原菌的初步鉴定

综合形态特征(分生孢子中间 3 细胞的颜色)与 3 个基因的序列在 NCBI 数据库中的比对结果，将 12 个菌株中的 2 个菌株(FX9、FX21)归为拟盘多毛孢属，另外 10 个菌株(FX1、FX2、FX7、FX12、FX13、FX16、FX20、FX25、FX26 和 FX27)归为新拟盘多毛孢属。

2.2 病原菌的系统发育分析

本研究选用了 53 条 ITS 参考序列、51 条 β-tubulin 参考序列和 47 条 tef1 参考序列，序列总长 1 511 bp，其中 ITS 序列 578 bp、β-tubulin 序列 437 bp 和 tef1 序列 496 bp。

本研究构建了单基因(ITS、β-tubulin 和 tef1)、双基因和三基因的 ML 与 BI 系统发育树，

得到的系统发育树的拓扑结构有些许不同,但并不存在明显冲突,在三基因联合的系统发育分析中 ITS 基因的最佳模型为 HKY+I+G (BI)及 TRN+I+G (ML); β -tubulin 基因的最佳模型为 GTR+G (BI)及 TVM+G (ML); *tefl* 基因的最佳模型为 HKY+I+G (BI)及 TRN+I+G (ML)。另外,三基因联合的系统发育树的支持率(bootstrap support values)与后验概率(posterior probabilities)明显高于单基因与双基因,所以本研究选择了基于贝叶斯算法构建的三基因系统发育树来呈现系统发育分析的结果(图 1)。

综上所述,12 个供试菌株主要分布在拟盘多毛孢属真菌和新拟盘多毛孢属真菌的分支上,其中 FX1、FX2、FX7、FX13、FX16、FX20、FX25、FX26 和 FX27 与 *Neopestalotiopsis cocoes* 聚在一起;FX12 与 *N. umbrinospora* 和 *N. chrysea* 聚在一起;FX21 与 *Pestalotiopsis neglecta*、*P. kenyana*、*P. trachicarpicola* 等聚在一起;FX9 与 *P. neolitsea* 聚在一起。另外,通过三基因系统发育树可以看出, *N. foedans* (枫香上已报道)与本研究包含的 10 个新拟盘多毛孢属菌株的亲缘关系较远、通过 ITS 单基因系统发育树可以看出 *P. mangiferae* (枫香上已报道)与本研究包含的 2 个拟盘多毛孢属菌株的亲缘关系较远(结果未显示)。

2.3 病原菌的形态特征描述

Neopestalotiopsis cocoes Norphanphoun, T.C. Wen & K.D. Hyde Fig. 2

症状:在枫香叶片、叶柄、枝条和树皮处发病,染病初期是单个黄褐色斑点,随病情的扩展,多个小病斑融合成深褐色至黑色的不规则形状大病斑(图 2A, 2B)。

培养性状:在 PDA 培养基上培养 7 d 后,菌落直径达到 7.0 cm,菌落白色,绒毛状,边缘规则,背面为淡橙色(图 2C, 2D);PDA 上的子实体为深褐色到黑色,球状,单独或聚生,埋生或半埋生(图 2E)。

显微特征:分生孢子盘上的产孢细胞透明,

群生,保龄球形状(图 2F–2H);分生孢子 5 个细胞,纺锤形,直或稍弯曲,顶端细胞和基部细胞透明无色,中间 3 个细胞异色,从基部往上数第 2 个细胞浅棕色,第 3 个细胞和第 4 个细胞同色,为棕色,顶端生 2–4 根管状附属丝(通常为 3 根),有时会分叉,基部附属丝通常 1 根(图 2I–2L)。分生孢子 $19.0\text{--}26.0\times 6.0\text{--}9.0\text{ }\mu\text{m}$, $\bar{x}=(22.5\pm 1.6)\times (7.5\pm 0.6)\text{ }\mu\text{m}$, $n=50$;中间 3 个细胞 $13.0\text{--}17.0\text{ }\mu\text{m}$, $\bar{x}=(14.7\pm 1.5)\text{ }\mu\text{m}$, $n=50$;顶端附属丝 $16.0\text{--}25.0\text{ }\mu\text{m}$, $\bar{x}=(21.2\pm 2.6)\text{ }\mu\text{m}$, $n=50$;基部附属丝 $4.0\text{--}8.0\text{ }\mu\text{m}$, $\bar{x}=(5.3\pm 0.9)\text{ }\mu\text{m}$, $n=50$ 。

研究材料:2017 年 8 月 20 日,于福建省林科院采集的枫香叶片(菌株号:FX16)、福建省福州国家森林公园采集的叶柄(菌株号:FX20 和 FX27);2017 年 09 月 10 日,于福建省宁德市霞浦县榕枫公园采集的枫香叶片(菌株号:FX1、FX7、FX13 和 FX26)、枝条(菌株号:FX2)和树皮(菌株号:FX25)。

讨论:从福建 3 个地方采集的感病叶片、叶柄、枝条和树皮上分离到的 9 个新拟盘多毛孢属真菌的菌株(FX1、FX2、FX7、FX13、FX16、FX20、FX25、FX26 和 FX27)形态特征相似,在三基因系统发育树中聚在同一个分支上,且与 *N. cocoes* 相近,但支持率和后验概率不高。比较这 9 个菌株和 *N. cocoes* 的形态特征,发现很相似,故鉴定为该种。

N. cocoes 是 Hyde *et al.* (2016)在椰子上报道的新种,该菌可引起椰子的叶枯病。目前为止,该菌只在泰国椰子叶片上报道过,因此本研究属首次在中国报道该种,枫香也成为该种的第二种寄主。

Neopestalotiopsis chrysea (Maharachchikumbura & K.D. Hyde) Maharachchikumbura, K.D. Hyde & Crous Fig. 3

症状:在枫香枝条处发病,染病初期是单个黄褐色斑点,随病情的扩展,多个小病斑融合成深褐色至黑色的不规则形状大病斑(图 3A)。

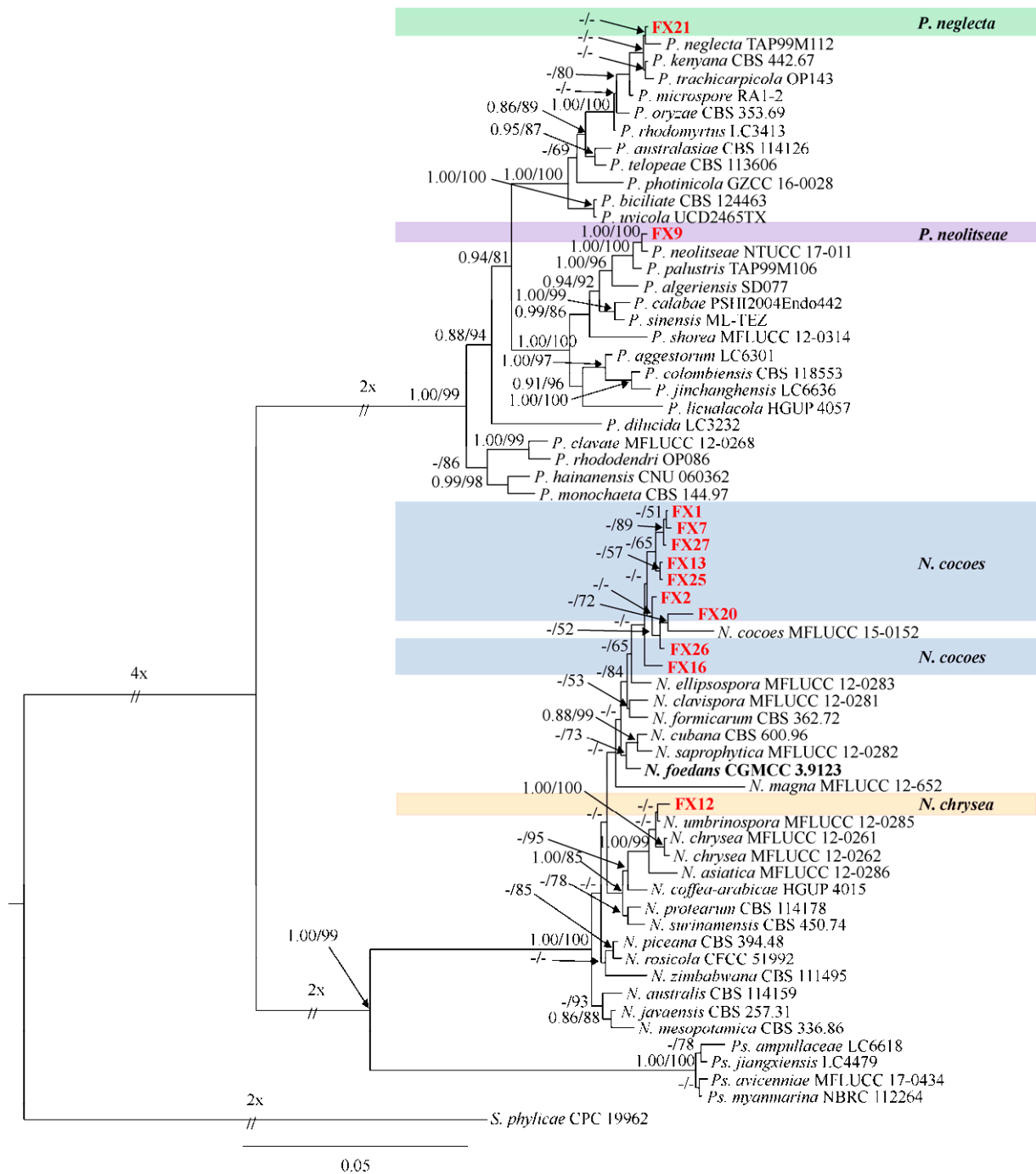


图1 基于 ITS、 β -tubulin、tef1 三个基因序列联合构建的类似盘多毛孢属真菌的贝叶斯(BI)树 此发育树以 *Seiridium phylicae* (CPC19962) 为外群; 贝叶斯后验概率(PP) ≥ 0.85 , 最大似然支持率(MLBS) $\geq 50\%$ 显示在系统发育树上, 贝叶斯后验概率低于 0.85、最大似然支持率低于 50% 用 “-” 表示. 本研究所包含的菌株已用红色字体标出. 标尺表示每个位点的核苷酸替换的预期数量

Fig. 1 A Bayesian analysis of the combined (ITS+ β -tubulin+tef1) alignment of the analysed *Pestalotiopsis*-like fungal sequences. The tree is rooted to *Seiridium phylicae* (CPC19962). Maximum likelihood bootstrap values $\geq 50\%$, Bayesian posterior probabilities ≥ 0.85 (PP/MLBS) are given at the nodes and maximum likelihood bootstrap values $< 50\%$, Bayesian posterior probabilities < 0.85 (PP/MLBS) are represented by “-”. The species obtained in this study are in red. The scale bar represents the expected number of changes per site.

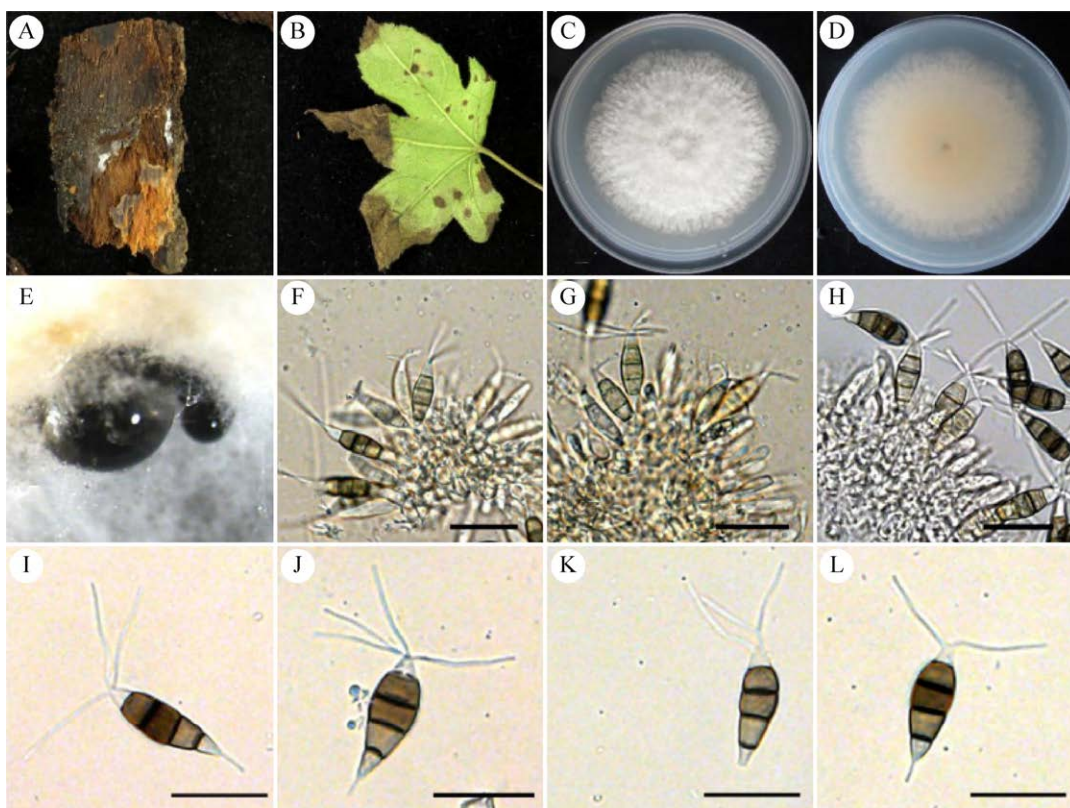


图 2 *Neopestalotiopsis cocoes* 所致病害的症状及形态特征 A: 枫香的感病树皮(FX25); B: 枫香的感病叶片(FX16); C, D: PDA 培养基上生长 7 d 的菌落正面(C)和菌落背面(D); E: PDA 培养基上的子实体; F-H: 产孢细胞与分生孢子盘; I-L: 分生孢子. 标尺: F-L=20 μm

Fig. 2 Symptoms of plant disease caused by *Neopestalotiopsis cocoes* and morphological characters of the pathogen. A: Bark spots on *Liquidambar formosana* (FX25); B: Leaf spots on *Liquidambar formosana* (FX16); C, D: Colony on PDA in 7 d (C: Obverse, D: Reverse); E: Conidiomata on PDA; F-H: Conidiogenous cells and acervulus; I-L: Conidia. Scale bars: F-L=20 μm .

培养性状: 在 PDA 培养基上培养 7 d 后, 菌落直径达到 7.3 cm, 菌落白色, 绒毛状, 有同心轮纹, 边缘不规则, 背面为淡橙色(图 3B, 3C); PDA 上的子实体为深褐色到黑色, 球状, 单独或聚生, 埋生或半埋生(图 3D)。

显微特征: 分生孢子盘上的产孢细胞透明, 群生, 保龄球形状(图 3E-3H); 分生孢子 5 个细胞, 纺锤形, 直或稍弯曲, 顶端细胞和基部细胞透明无色, 中间 3 个细胞异色, 从基部往上数第 2 个细胞浅棕色, 第 3 个细胞和第 4 个细胞同色, 为棕色, 顶端生 2-4 根管状附属丝(通常为 3 根), 基部附属丝通常 1 根(图 3I-3L)。分生孢子 $21.0-26.0 \times 6.0-8.0 \mu\text{m}$, $\bar{x}=(23.8 \pm 1.5) \times (7.4 \pm 0.5) \mu\text{m}$,

$n=50$; 中间 3 个细胞 $13.0-16.0 \mu\text{m}$, $\bar{x}=(14.7 \pm 1.1) \mu\text{m}$, $n=50$; 顶端附属丝 $17.0-30.0 \mu\text{m}$, $\bar{x}=(23.0 \pm 4.0) \mu\text{m}$, $n=50$; 基部附属丝 $3.0-7.0 \mu\text{m}$, $\bar{x}=(4.8 \pm 1.0) \mu\text{m}$, $n=50$ 。

研究材料: 2017 年 9 月 10 日, 于福建省宁德市霞浦县榕枫公园采集的枫香枝条(菌株号: FX12)。

讨论: FX12 与 *N. chrysea*、*N. umbrinospora* 在三基因系统发育树上较为接近, 但支持率和后验概率不高, 通过形态特征比较, 发现 FX12 与 *N. chrysea* 的形态较为一致, 与 *N. umbrinospora* 的形态特征有明显不同(Maharachchikumbura *et al.* 2012), FX12 顶端附属丝的长度短于 *N. umbrinospora* ($22-35 \mu\text{m}$), 故将 FX12 鉴定为 *N. chrysea*。

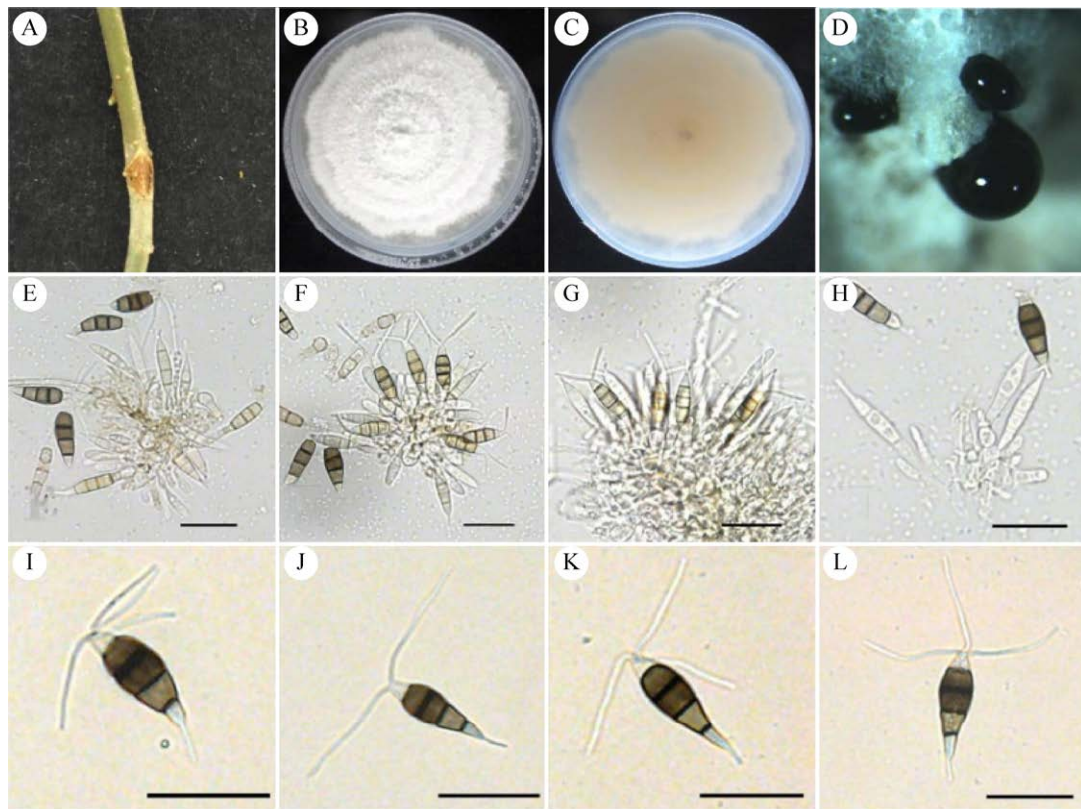


图3 *Neopestalotiopsis chrysea* 所致病害的症状及形态特征 A: 枫香的感病枝条(FX12); B, C: PDA 培养基上生长 7 d 的菌落正面(B)和菌落背面(C); D: PDA 培养基上的子实体; E-H: 产孢细胞与分生孢子盘; I-L: 分生孢子. 比例尺: E-L=20 μm

Fig. 3 Symptoms of plant disease caused by *Neopestalotiopsis chrysea* and morphological characters of the pathogen. A: Branch spots on *Liquidambar formosana* (FX12); B, C: Colony on PDA after in 7 d (B: Obverse, C: Reverse); D: Conidiomata on PDA; E-H: Conidiogenous cells and acervulus; I-L: Conidia. Scale bars: E-L= 20 μm .

N. chrysea 是 Maharachchikumbura *et al.* (2012)在不知名植物上报道的的新种,但并未提及 其是否为该种植物上的病原菌。该菌也曾被报道 可引起兔眼越橘的枯枝病(Shi *et al.* 2016)和美国 山核桃的叶斑病(Wu *et al.* 2020)。本研究首次在 枫香上报道了该种真菌。

Pestalotiopsis neglecta (Thümen) Steyaert Fig. 4

症状: 在枫香叶片处发病,染病初期是单个 黄褐色斑点,随病情的扩展,多个小病斑融合成 深褐色至黑色的不规则形状大病斑(图 4A)。

培养性状: 在 PDA 培养基上培养 7 d 后, 菌落直径达到 3.9 cm,菌落白色,绒毛状,边缘

不规则,背面为黄褐色(图 4B, 4C); PDA 上的 子实体为深褐色到黑色,球状,单独或聚生,埋 生或半埋生(图 4D)。

显微特征: 分生孢子盘上的产孢细胞透明, 群生,保龄球形状(图 4E-4G); 分生孢子 5 个细胞,纺锤形,直或稍弯曲,顶端细胞和基部细胞 透明无色,中间 3 个细胞同色,均为浅褐色,顶端 生 2-4 根管状附属丝(通常为 3 根),基部附属丝通常 1 根(图 4H-4K)。分生孢子 $21.0\text{--}28.0\times 6.0\text{--}8.0\text{ }\mu\text{m}$, $\bar{x}=(24.4\pm 2.4)\times (7.1\pm 0.6)\text{ }\mu\text{m}$, $n=50$; 中间 3 个细胞 $15.0\text{--}17.0\text{ }\mu\text{m}$, $\bar{x}=(16.0\pm 1.3)\text{ }\mu\text{m}$, $n=50$; 顶端附 属丝 $11.0\text{--}18.0\text{ }\mu\text{m}$, $\bar{x}=(13.6\pm 2.0)\text{ }\mu\text{m}$, $n=50$; 基 部附属丝 $4.0\text{--}6.0\text{ }\mu\text{m}$, $\bar{x}=(5.1\pm 0.6)\text{ }\mu\text{m}$, $n=50$ 。

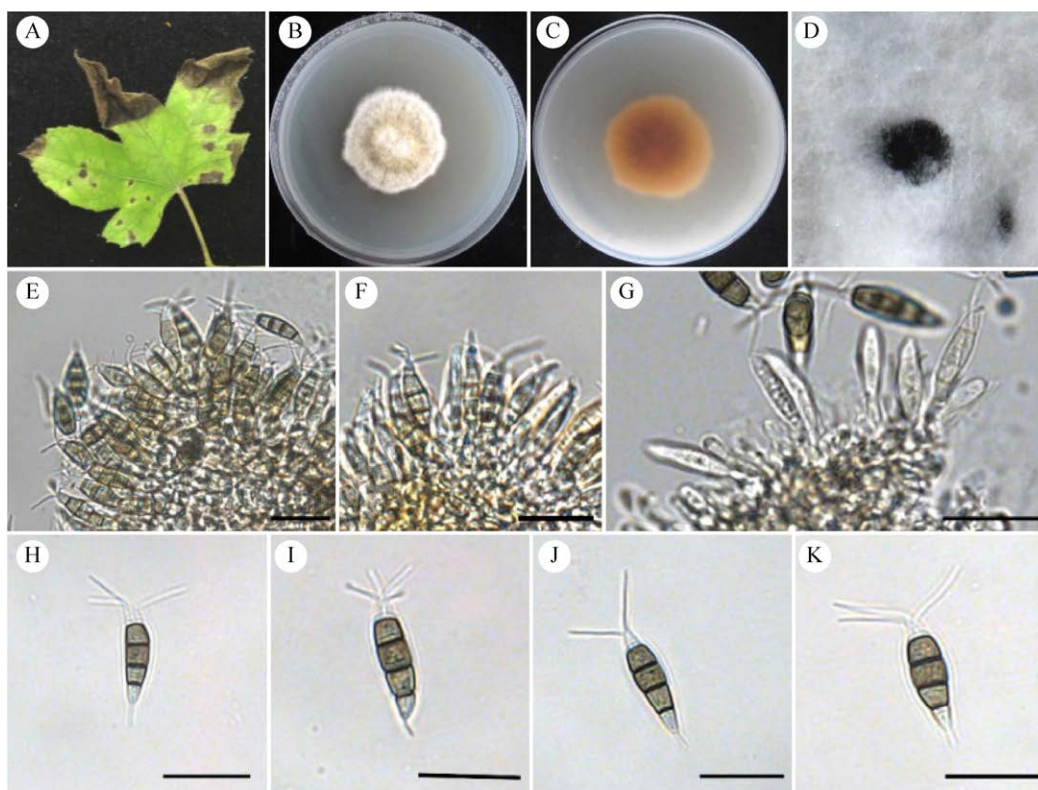


图 4 *Pestalotiopsis neglecta* 所致病害的症状及形态特征 A: 枫香的感病叶片(FX21); B, C: PDA 培养基上生长 7 d 的菌落正面(B)和菌落背面(C); D: PDA 培养基上的子实体; E–G: 产孢细胞与分生孢子盘; H–K: 分生孢子. 比例尺: E–K=20 μm

Fig. 4 Symptoms of plant disease caused by *Pestalotiopsis neglecta* and morphological characters of the pathogen. A: Leaf spots on *Liquidambar formosana* (FX21); B, C: Colony on PDA in 7 d (B: Obverse, C: Reverse); D: Conidiomata on PDA; E–G: Conidiogenous cells and acervulus; H–K: Conidia. Scale bars: E–K=20 μm .

研究材料: 2017 年 8 月 20 日, 于福建省林业科学研究院采集的枫香叶片(菌株号: FX21)。

讨论: FX21 与 *P. neglecta* 在三基因系统发育树中聚在一起, 但支持率和后验概率不高。通过形态学比较, 发现 FX21 与 *P. neglecta* 的形态学指标较为一致且与枫香上已报道的 *P. mangiferae* 和 *P. toxica* (葛起新等 2009) 的形态有较大不同, FX21 的分生孢子长度长于 *P. mangiferae*, 宽度窄于 *P. mangiferae* (18.9–23.6 $\times$ 8.3–11.8 μm), FX21 的基部附属丝长度短于 *P. mangiferae* (5.0–8.8 μm); FX21 的分生孢子比 *P. toxica* 的分生孢子大(17.8–26.7 $\times$ 5.6–5.9 μm)且 FX21 的基部附属丝比 *P. toxica* 的更长(1.0–3.0 μm), 故将 FX21 鉴定为 *P. neglecta*。

P. neglecta 是 Steyaert (1953) 在大叶黄杨和可可树上报道的新种, 但并未提及是否为这两种植物上的病原菌。而曾有报道该菌可引起日本柳杉的枯梢病(Zhou *et al.* 2019)和樟子松的黑斑病(Chen *et al.* 2020)。该菌还被报道可以作为内生菌寄生在茶树、竹柏、罗汉松和云南红豆杉等植物上(韦继光等 2005)。本研究首次在枫香上报道了该种真菌。

Pestalotiopsis neolitseae H.A. Ariyawansa & K.D. Hyde Fig. 5

症状: 在枫香叶片处发病, 染病初期是单个黄褐色斑点, 随病情的扩展, 多个小病斑融合成深褐色至黑色的不规则形状大病斑(图 5A)。

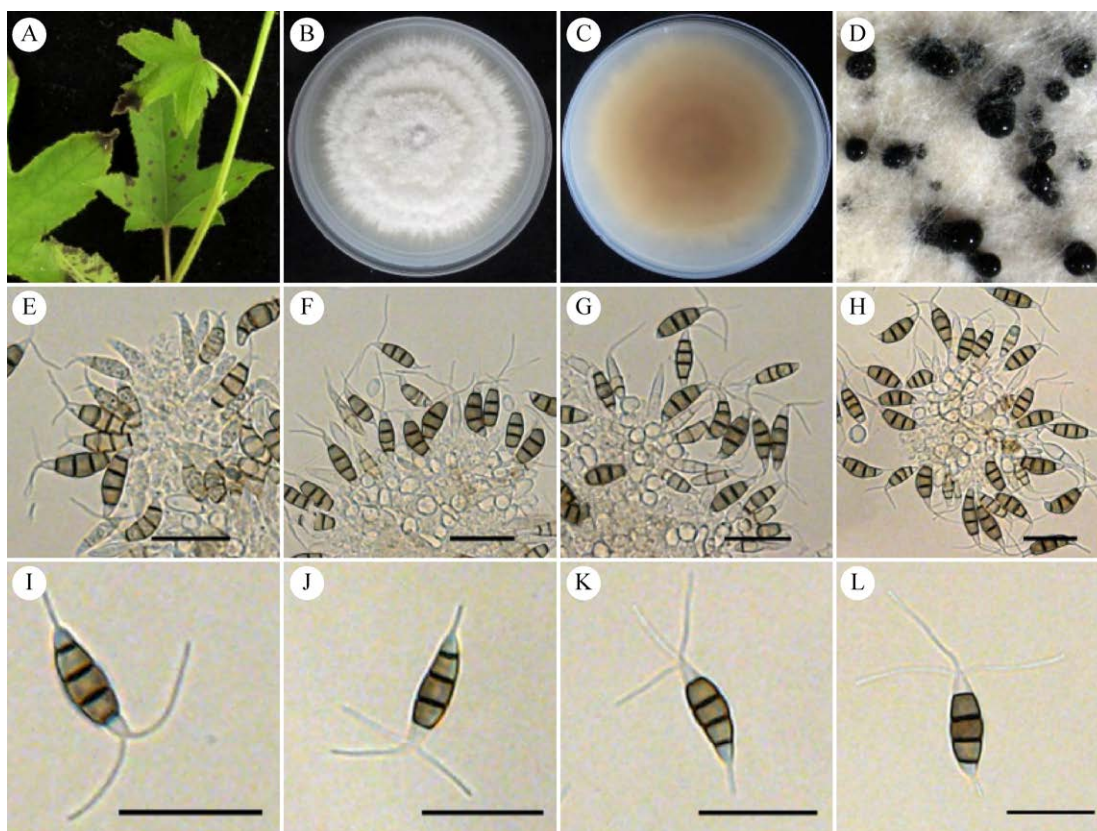


图 5 *Pestalotiopsis neolitiseae* 所致病害的症状及形态特征 A: 枫香的感病叶片(FX9); B, C: PDA 培养基上生长 7 d 的菌落正面(B)和菌落背面(C); D: PDA 培养基上的子实体; E-H: 产孢细胞与分生孢子子盘; I-L: 分生孢子. 比例尺: E-L=20 μm

Fig. 5 Symptoms of plant disease caused by *Pestalotiopsis neolitiseae* and morphological characters of the pathogen. A: Leaf spots on *Liquidambar formosana* (FX9); B, C: Colony on PDA in 7 d (B: Obverse, C: Reverse); D: Conidiomata on PDA; E-H: Conidiogenous cells and acervulus; I-L: Conidia. Scale bars: E-L=20 μm .

培养性状: 在 PDA 培养基上培养 7 d 后, 菌落直径达到 7.0 cm, 菌落白色, 绒毛状, 具有同心轮纹, 边缘规则, 背面为淡黄褐色(图 5B, 5C); PDA 上的子实体为深褐色到黑色, 球状, 单独或聚生, 埋生或半埋生(图 5D)。

显微特征: 分生孢子盘上的产孢细胞透明, 群生, 保龄球形状(图 5E-5H); 分生孢子 5 个细胞, 纺锤形, 直或稍弯曲, 顶端细胞和基部细胞透明无色, 中间 3 个细胞同色, 均为浅褐色, 顶端生 2-3 根管状附属丝(通常为 3 根), 基部附属丝通常 1 根(图 5I-5L)。分生孢子 $18.0-22.0 \times 5.0-7.0 \mu\text{m}$, $\bar{x}=(20.2 \pm 1.4) \times (6.0 \pm 0.5) \mu\text{m}$, $n=50$; 中间 3 个细胞 $12.0-15.0 \mu\text{m}$, $\bar{x}=(13.3 \pm 1.0) \mu\text{m}$, $n=50$; 顶端附属

丝 $12.0-18.0 \mu\text{m}$, $\bar{x}=(15.7 \pm 2.9) \mu\text{m}$, $n=50$; 基部附属丝 $2.0-7.0 \mu\text{m}$, $\bar{x}=(5.0 \pm 1.2) \mu\text{m}$, $n=50$ 。

研究材料: 2017 年 9 月 10 日, 于福建省宁德市霞浦县榕枫公园采集的枫香叶片(菌株号: FX9)。

讨论: FX9 与 *P. neolitiseae* 在三基因系统发育树上形成姐妹分支且支持率和后验概率较高, 形态上二者总体相似且与枫香上已报道的 *P. mangiferae* 和 *P. toxica* (葛起新等 2009) 的形态特征有明显不同, FX9 的分生孢子宽度窄于 *P. mangiferae* ($8.3-11.8 \mu\text{m}$), FX9 的基部附属丝长度短于 *P. mangiferae* ($5.0-8.8 \mu\text{m}$); FX9 的分生孢子长度长于 *P. toxica* ($17.8-26.7 \mu\text{m}$) 且 FX9

的基部附属丝比 *P. toxica* 的更长(1.0–3.0 μm), 故将 FX9 鉴定为 *P. neolitseae*。

P. neolitseae 是 Ariyawansa & Hyde (2018) 在兰屿新木姜子上报道的新种,能引起兰屿新木姜子的叶斑病。目前为止,该菌只在兰屿新木姜子上报道过,因此,枫香也成为该种的第二种寄主。

2.4 柯赫式法则验证

通过对本研究中的 4 个种: *P. neolitseae* (FX9)、*P. neglecta* (FX21)、*N. chrysea* (FX12)和 *N. cocoas* (FX16)进行柯赫氏法则验证,发现 *P. neglecta*、*N. chrysea* 和 *N. cocoas* 可以引起枫香

植物组织发病(图 6、图 7 和图 8),但致病力和发病部位有所不同, *P. neglecta* 只侵染叶柄和枝条, *N. chrysea* 无法侵染叶柄, *N. cocoas* 能够侵染叶片、叶柄和枝条。自然条件下的发病症状与接种后的发病症状一致,再次对发病部位进行病原分离,得到的菌株的形态特征与先前的菌株相同,由此可以证明, *P. neglecta*、*N. chrysea* 和 *N. cocoas* 是导致枫香发生叶斑病的病原菌。

对病斑直径进行测量(表 2),再对数据进行显著性分析(图 9),发现 *N. cocoas* 与 *N. chrysea* 对枫香叶片的致病力有显著性差异, *N. cocoas*

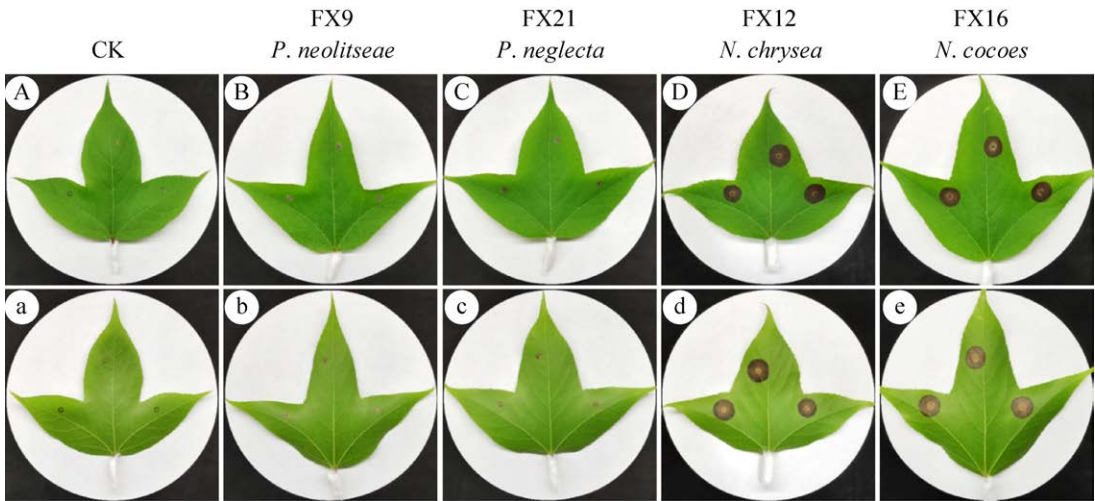


图 6 孢子悬浮液造伤接种枫香叶片 7 d 后的发病症状
Fig. 6 Representative symptoms on *Liquidambar formosana* leaves induced by inoculation with conidia's suspension of 4 fungal species under wounded conditions in 7 d. A–E: Epiphyllous; a–e: Hypophyllous.

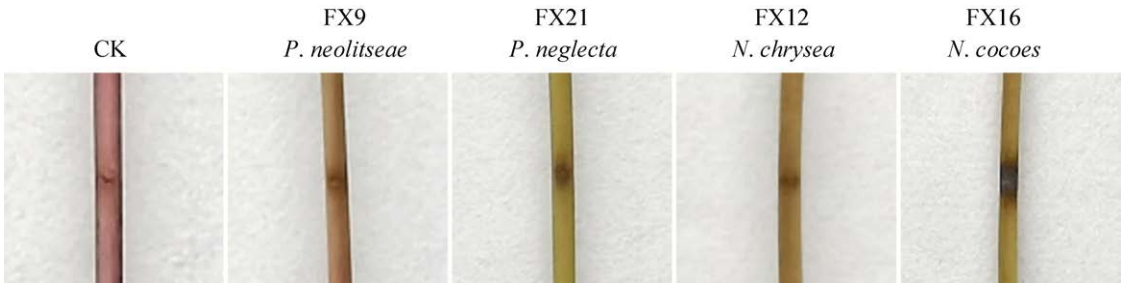


图 7 孢子悬浮液造伤接种枫香叶柄 7 d 后的发病症状
Fig. 7 Representative symptoms on *Liquidambar formosana* petioles induced by inoculation with conidia's suspension of 4 fungal species under wounded conditions in 7 d.

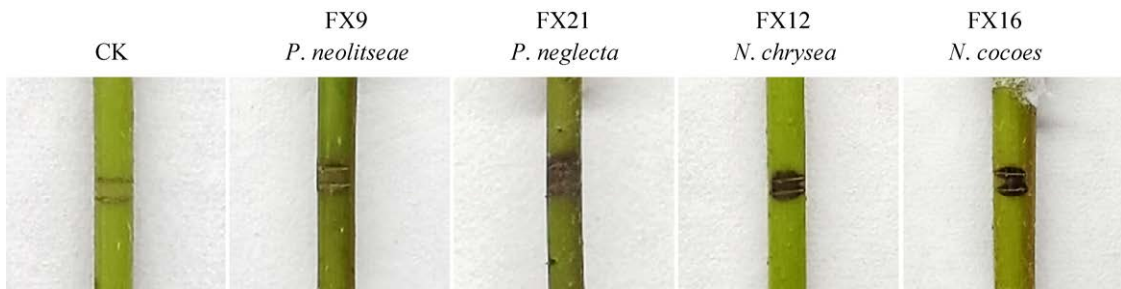


图 8 孢子悬浮液造伤接种枫香枝条 7 d 后的发病症状

Fig. 8 Representative symptoms on *Liquidambar formosana* branches induced by inoculation with conidia's suspension of four fungal species under wounded conditions in 7 d.

表 2 孢子悬浮液接种造伤枫香植物组织 7 d 后的病斑直径

Table 2 Lesion diameter on *Liquidambar formosana* tissues induced by inoculation with conidia's suspension under wounded conditions in 7 d postinoculation

种名及菌株号 Species name and strain number	叶片病斑直径 Lesion diameter on wounded leaves (mm)	叶柄病斑直径 Lesion diameter on wounded petioles (mm)	枝条病斑直径 Lesion diameter on wounded branches (mm)
<i>Pestalotiopsis neolitseae</i> (FX9)	Symptomless	Symptomless	Symptomless
<i>P. neglecta</i> (FX21)	Symptomless	1.3±0.5	2.3±0.4
<i>Neopestalotiopsis chrysea</i> (FX12)	14.3±1.0	Symptomless	2.0
<i>N. cocoes</i> (FX16)	15.4±1.0	2.5±0.4	2.0

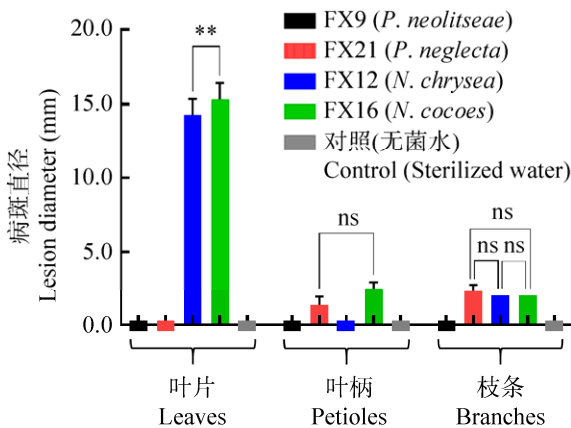


图 9 不同枫香植物组织上病斑直径的显著性分析

当 P 值小于 0.01 且大于 0.001 时用 ** 表示显著性；当 P 值大于 0.05 时用 ns 表示没有显著性差异

Fig. 9 Significance analysis of lesion diameter on different *Liquidambar formosana* tissues. When P value is less than 0.01 and greater than 0.001, ** is used to indicate significance; When P value is greater than 0.05, using ns to show there is no significant difference.

的致病力比 *P. neglecta* 强；*N. cocoes* 和 *P. neglecta* 对枫香叶柄的致病力没有显著性差异；*N. chrysea*、*N. cocoes*、*P. neglecta* 对枫香枝条的致病力相似，无显著性差异。

3 讨论

目前，在 USDA 的真菌与寄主数据库(https://nt.ars-grin.gov/fungalatabases/fungushost/new_frameFungusHostReport.cfm)中查到的枫香上的类似盘多毛孢属真菌只有 3 种，并且这 3 个在枫香上已经报道的种在相关参考文献中并未被提及是否是以病原菌的形式存在于寄主上。可见，关于枫香上类似盘多毛孢属真菌的多样性和致病性的研究相对较少。

本研究将从枫香上获得的 12 株类似盘多毛孢属真菌，鉴定为 4 个已知种(*P. neolitseae*、*P. neglecta*、*N. cocoes* 和 *N. chrysea*)，但被鉴定为 *P.*

neglecta、*N. cocoes* 和 *N. chrysea* 的菌株在多基因系统发育树中的支持率和后验概率较低,说明对该类真菌进行分类学研究还需要开发更多具有分子标记的基因。

本研究通过柯赫氏法则实验证实了 *P. neglecta*、*N. cocoes* 和 *N. chrysea* 为枫香叶斑病的病原菌,说明类拟盘多毛孢属真菌在枫香上具有多样性并且可以以病原菌的形式存在于枫香植物组织中。本研究用于致病性测试并能引起植物组织发病的 3 个菌株中的 FX21 分离自枫香叶片,但在致病性实验中 FX21 却无法侵染枫香叶片,说明该种真菌可能在活体条件下更容易侵染寄主叶片或是在树势衰弱时才能侵染寄主;FX9 同样分离自枫香叶片,但其在实验中无法侵染枫香的植物组织,因此很可能是以内生菌或腐生菌的形式存在于枫香的植物组织中。所以,为了进一步验证该类真菌对枫香的致病力,后续研究还需要在活体条件下进行造伤接种以提高实验整体的准确性。

[REFERENCES]

- Ariyawansa HA, Hyde KD, 2018. Additions to *Pestalotiopsis* in Taiwan. *Mycosphere*, 9(5): 999-1013
- Carbone I, Kohn LM, 1999. A method for designing primer sets for speciation studies in filamentous ascomycetes. *Mycologia*, 91(3): 553-556
- Chen J, Hao X, Liu XF, Ma L, 2020. First report of *Pestalotiopsis neglecta* causing black spot needle blight of *Pinus sylvestris* var. *mongolica*. in China. *Plant Disease*, 104(5): 1545
- Chen Q, Wu GB, Yang QM, Chen FH, 2015. Pathogen identification and biological characteristics of wax apple soft rot disease. *China Plant Protection*, 35(7): 5-10 (in Chinese)
- Chi MQ, Wang Y, Ye JR, Zhang YF, 2013. Morphological and molecular identification of *Metasequoia* red blight. *Journal of Nanjing Forestry University (Natural Sciences Edition)*, 37(5): 75-80 (in Chinese)
- Gardes M, Bruns TD, 1993. ITS primers with enhanced specificity for basidiomycetes-application to the identification of mycorrhizae and rusts. *Molecular Ecology*, 2(2): 113-118
- Ge QX, Chen YX, Xu T, 2009. *Flora fungorum sinicorum*, Vol. 38. *Pestalotiopsis*. Science Press, Beijing. 1-272 (in Chinese)
- Glass NL, Donaldson GC, 1995. Development of primer sets designed for use with the PCR to amplify conserved genes from filamentous ascomycetes. *Applied and Environmental Microbiology*, 61(4): 1323-1330
- Hall TA, 1999. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. *Nucleic Acids Symposium Series*, 41(41): 95-98
- Hyde KD, Hongsanan S, Jeewon R, Bhat DJ, McKenzie EHC, Jones EBG, Phookamsak R, Ariyawansa HA, Boonmee S, Zhao Q, Abdel-Aziz FA, Abdel-Wahab MA, Banmai S, Chomnunti P, Cui BK, Daranagama DA, Das K, Dayarathne MC, Silva NI, Zhu L, 2016. Fungal diversity notes 367-490: taxonomic and phylogenetic contributions to fungal taxa. *Fungal Diversity*, 80: 1-270
- Larkin MA, Blackshields G, Brown NP, Chenna R, McGettigan PA, McWilliam H, Valentin F, Wallace IM, Wilm A, Lopez R, Thompson JD, Gibson TJ, Higgins DG, 2007. Clustal W and Clustal X version 2.0. *Bioinformatics*, 23: 2947-2948
- Li CF, Liu L, Liu HY, 2012. Investigation on diseases and insect pests of *Liquidambar formosana* and integrated control technology. *Xiandai Horticulture*, 2012(10): 155 (in Chinese)
- Li DX, Zhao XZ, Wang Y, Lian SS, Ren YF, Chen Z, 2018. Identification of the pathogen causing tea gray blight disease in Huishui County, Guizhou Province. *Chinese Journal of Tropical Crops*, 39(9): 1827-1833 (in Chinese)
- Lu B, Hyde KD, Ho WH, Tsui KM, Taylor JE, Wong KM, Yanna, Zhou D, 2000. Checklist of Hong Kong fungi. *Fungal Diversity Press*, Hong Kong. 1-207
- Maharachchikumbura SSN, Guo LD, Cai L, Chukeniroti E, Wu WP, Sun X, Crous PW, Bhat DJ, McKenzie EHC, Bahkali AH, Hyde KD, 2012. A multi-locus backbone tree for *Pestalotiopsis*, with a polyphasic characterization of 14 new species. *Fungal Diversity*, 56: 95-129
- Maharachchikumbura SSN, Hyde KD, Groenewald JZ, Xu J, Crous PW, 2014. *Pestalotiopsis* revisited. *Studies in Mycology*, 79: 121-186
- Nguyen LT, Schmidt HA, von Haeseler A, Minh BQ, 2015. IQ-TREE: a fast and effective stochastic algorithm for estimating maximum-likelihood phylogenies. *Molecular Biology and Evolution*, 32(1): 268-274
- Norphanphoun C, Jayawardena RS, Chen Y, Wen TC, Meepol W, Hyde KD, 2019. Morphological and phylogenetic characterization of novel pestalotioid species associated

- with mangroves in Thailand. *Mycosphere*, 10(1): 531-578
- O'Donnell K, Kistler HC, Cigelnik E, Ploetz RC, 1998. Multiple evolutionary origins of the fungus causing Panama disease of banana: concordant evidence from nuclear and mitochondrial gene genealogies. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 95(5): 2044-2049
- Pan AF, Ye GF, He XY, Lian QX, 2018. *Liquidambar formosana*. China Forestry Publishing House, Beijing. 1-60 (in Chinese)
- Ronquist F, Teslenko M, van der Mark P, Ayres DL, Darling A, Höhna S, Larget B, Liu L, Suchard MA, Huelsenbeck JP, 2012. MrBayes 3.2: efficient Bayesian phylogenetic inference and model choice across a large model space. *Systematic Biology*, 61(3): 539-542
- Shi LB, Li Y, Fei NY, Fu JF, Yan XR, 2016. First report of *Neopestalotiopsis chrysea* causing twig dieback of rabbiteye blueberry (*Vaccinium ashei* Reade) in China. *Plant Disease*, 101(3): 506
- Steyaert RL, 1953. New and old species of *Pestalotiopsis*. *Transactions of the British Mycological Society*, 36(2): 81-89
- Wei JG, Xu T, Guo LD, Pan XH, 2005. Endophytic *Pestalotiopsis* species from Southern China. *Mycosystema*, 24(4): 481-493 (in Chinese)
- White TJ, Bruns T, Lee S, Taylor J, 1990. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. *PCR protocols: a guide to methods and applications*. Academic Press, New York. 315-322
- Wu F, Kong W, Zhang Y, Wu T, Wu XQ, 2020. First report of leaf spot disease caused by *Neopestalotiopsis chrysea* on *Carya illinoensis* in China. *Plant Disease*, 105(1): 221
- Zhang D, Gao F, Jakovli I, Zou H, Zhang J, Li WX, Wang GT, 2020. PhyloSuite: an integrated and scalable desktop platform for streamlined molecular sequence data management and evolutionary phylogenetics studies. *Molecular Ecology Resources*, 20(1): 348-355
- Zhang XY, Li SJ, Wang L, Yang YL, 2019. Pathogen identification of gray leaf spot on *Camellia japonica* and screening of the fungicides. *Plant Protection*, 45(4): 209-215, 242 (in Chinese)
- Zhou L, Li J, Chen F, Chen J, Ye J, 2019. First report of shoot blight on *Cryptomeria japonica* caused by *Pestalotiopsis neglecta* in China. *Plant Disease*, 103(8): 2140
- Zhu YY, Su JY, Pan AF, He XY, Hu HL, 2019. *Colletotrichum* species responsible for leaf anthracnose of *Liquidambar formosana* Hance in Fujian. *Chinese Journal of Tropical Crops*, 40(11): 2197-2204 (in Chinese)
- [附中文参考文献]
- 陈前, 吴光斌, 杨秋明, 陈发河, 2015. 莲雾软腐病病原菌鉴定及其生物学特性研究. *中国植保导刊*, 35(7): 5-10
- 匙明强, 王焱, 叶建仁, 张岳峰, 2013. 水杉赤枯病病原形态及分子鉴定. *南京林业大学学报(自然科学版)*, 37(5): 75-80
- 葛起新, 陈育新, 徐同, 2009. 中国真菌志. 第 38 卷. 拟盘多毛孢属. 北京: 科学出版社. 1-235
- 李超飞, 刘磊, 刘怀宇, 2012. 枫香的病虫害调查及综合防治技术. *现代园艺*, 2012(10): 155
- 李冬雪, 赵晓珍, 王勇, 练珊珊, 任亚峰, 陈卓, 2018. 贵州惠水县茶轮斑病病原菌的鉴定. *热带作物学报*, 39(9): 1827-1833
- 潘爱芳, 叶功富, 何学友, 连巧霞, 2018. 枫香. 北京: 中国林业出版社. 1-60
- 韦继光, 徐同, 郭良栋, 潘秀湖, 2005. 中国南方内生拟盘多毛孢. *菌物学报*, 24(4): 481-493
- 张晓勇, 李树江, 王亮, 杨友联, 2019. 山茶灰斑病病原菌鉴定及防治药剂初步筛选. *植物保护*, 45(4): 209-215, 242
- 朱仰艳, 苏锦钰, 潘爱芳, 何学友, 胡红莉, 2019. 福建枫香炭疽病病原的种类鉴定. *热带作物学报*, 40(11): 2197-2204