

孟颢光, 魏晨星, 祁魏峥, 等. 不同地区枣树干腐病原鉴定及多样性分析[J]. 华中农业大学学报, 2023, 42(2): 108-114.
DOI: 10.13300/j.cnki.hnlkxb.2023.02.014

不同地区枣树干腐病原鉴定及多样性分析

孟颢光¹, 魏晨星¹, 祁魏峥², 文才艺¹, 王留超³, 万鑫茹¹, 臧睿¹, 赵莹¹

1. 河南农业大学植物保护学院, 郑州450002; 2. 郑州市绿化工程管理处, 郑州450006;
3. 河南省新郑市林业局, 新郑451100

摘要 为有效防控枣树干腐病, 以47株不同来源的枣树干腐病斑分离物为材料, 采用ITS和EF-1 α 基因序列比对分析以及室内接种方法, 对枣树干腐病原菌进行鉴定, 并分析其分布特点及致病力差异。结果显示, 47株不同来源的枣树干腐病原菌包括葡萄座腔菌(*Botryosphaeria dothidea*)、希氏座腔菌(*Spencermartinsia viticola*)、平截色二孢(*Diplodia mutila*)、色二孢菌(*D. seriata*)和火炬树暗葡萄腔菌(*Phaeobotryon rhois*)5个种, 其中, *S. viticola*的分离频率最高, 约65.96%, *B. dothidea*的分离频率次之, 为17.02%; 河南和河北的优势病原菌分别为葡萄座腔菌(*B. dothidea*)和色二孢菌(*D. seriata*), 山西、甘肃和宁夏的优势病原菌均为希氏座腔菌(*S. viticola*); 枣树干腐病的5种病原菌中*B. dothidea*的致病力最强, *P. rhois*的致病力最弱; 病原菌*S. viticola*在山西和河北的分离株致病力较强, 在河南、宁夏和甘肃的分离株致病力较弱。以上研究表明, 枣树干腐病的病原主要由5种葡萄座腔科的真菌组成, 不同地域的优势病原菌存在差异; 此外, 不同地区的同种病原菌的菌株间致病力存在差异, 同一地区的不同种病原菌株间的致病力也有差异。

关键词 枣树干腐病; 病原真菌; 病原鉴定; 致病力; 地域差异

中图分类号 S436.6 **文献标识码** A **文章编号** 1000-2421(2023)02-0108-07

枣树干腐病主要危害枣树的枝条, 在枣树的树体主枝上面产生圆形颜色较深的病斑, 1998年在山西省首次报道该病害^[1]。随着我国枣树种植面积不断扩大以及树龄增加, 干腐病的发生逐年加重, 已成为危害枣树的主要病害之一^[2]。目前, 已有学者对引起枣树干腐病的病原菌进行了研究, 如赵晓军等^[3-4]先后对枣树干腐病原菌*Fusicoccum aesculi*进行了分类鉴定和生物学特性研究; 冯慧静^[5]从河南等8个省(自治区)的枣树干腐病样品中分别鉴定出葡萄座腔菌科(*Botryosphaericeae*)的*Botryosphaeria dothidea*、*B. viticola*和*B. obtuse* 3种病原菌, 但没有明确各地区的病原菌分布情况。此外, 在已报道的苹果^[6]、蓝莓^[7]和葡萄^[8-9]等多种果树枝干病害中, 均鉴定出多种病原菌, 如苹果轮纹病的病原菌包括3种葡萄座腔菌科的真菌^[6]; 葡萄枝条坏死病的病原由4种葡萄座腔菌科真菌组成^[8]。我国枣产区分布广, 不同地区的种质资源丰富且差异明显, 栽培管理方式多样, 且干腐病存在溃疡型和干腐型两类症状, 枣树干

腐病的病原菌是否也存在多种真菌的情况尚不清楚。本研究以47株来源于河南、河北、山西、甘肃和宁夏5个省(自治区)的枣树干腐病菌分离物为材料, 基于ITS和EF-1 α 基因联合序列比对分析及室内接种方法, 研究不同地区枣树干腐病菌的种类、分布特点及不同种病原菌的致病力差异, 旨在为枣树干腐病的有效防控提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

1) 供试病原菌。47株分离自枣树干腐病斑的分离株的来源与分布如表1所示, 均保存于河南农业大学植物病害生物防治实验室。

2) 主要试剂。DNA Marker(DL2000)、2 \times Taq PCR Master Mix、琼脂糖凝胶回收试剂盒等, 分别购自宝生物技术(北京)有限公司(TaKaRa)、艾德莱生物科技有限公司(北京)和axygen公司。

收稿日期: 2022-04-13

基金项目: 国家自然科学基金青年项目(31901934; 31301609)

孟颢光, E-mail: menghaoguang@henau.edu.cn

通信作者: 赵莹, E-mail: nying2009@126.com

表1 枣树干腐病斑分离株的来源与分布
Table 1 The origin and distribution of pathogen isolates from jujube dry rot

菌株代号 Strain code	菌株数量 Number of strains	来源 Source of strain
HN	8	河南 Henan
HB	9	河北 Hebei
SX	8	山西 Shanxi
GS	11	甘肃 Gansu
NX	11	宁夏 Ningxia

1.2 供试菌株的活化、培养和形态观察

将实验室保存的菌株在PDA平板上活化,28℃黑暗培养3~5 d后,用打孔器在菌落边缘打取直径为5 mm的菌饼,转至铺有玻璃纸的PDA平板上,待其长满培养皿,刮取菌丝保存至-80℃冰箱备用。

为观察不同种类病原菌的形态差异,选取鉴定后的5种代表性菌株,在PDA平板28℃黑暗培养3~5 d后,观察菌落形态,并拍照。

1.3 供试菌株的分类鉴定

供试菌株基因组总DNA的提取采用CTAB法^[10]。以菌株的基因组DNA为模板,用通用引物ITS1/ITS4^[11]、EF446f/EF1035r^[12]进行PCR扩增。PCR反应体系均为25 μL,包括2×PCR Master Mix 12.5 μL,引物(ITS1/ITS4或EF446f/EF1035r)各0.5 μL,DNA模板1 μL,加入灭菌的ddH₂O补足体系25 μL。rDNA-ITS序列PCR扩增程序为94℃预变性4 min,94℃变性30 s,55℃退火30 s,72℃延伸40 s,共35个循环,72℃终止延伸10 min,于16℃条件下保存;EF-1α基因PCR扩增程序为94℃预变性4 min,94℃变性30 s,58℃退火30 s,72℃延伸30 s,共32个循环,72℃终止延伸10 min,16℃条件下保存。PCR产物用1%琼脂糖凝胶电泳检测验证后,送至北京擎科生物科技有限公司测序。

1.4 供试菌株的序列比对和系统发育树构建

将测序结果在NCBI中进行Blast比对分析,用Clustal X(2.0)软件分别对所获得的rDNA-ITS和EF-1α基因序列进行多重序列比对分析。用FASconCAT将rDNA-ITS和EF-1α基因序列进行序列拼接,通过MEGA7建树软件构建系统发育树,用Saccharata proteae strain CBS 115206作为外群。

1.5 供试菌株的致病力测定与柯赫氏法则验证

为分析枣树干腐病不同种类菌株差异情况,选

取5个种的代表性菌株进行致病力测定,分析不同种类病原菌的致病力。为比较不同地区菌株之间致病力差异,从5个地区及5个种中选取2个及以上地区共有的10个不同的菌株,以枣树1年生枝条为试验对象进行不同地区同种病原菌及同一地区不同病原菌致病性测定试验,分析不同地区之间枣树干腐病原菌的致病力差异。

致病力测定的枣树和枣果采集于新郑市枣园,品种为冬枣(*Ziziphus jujuba* cv. Dongzao)。将采集的1年生枣树枝截成10~12 cm的小段,先用70%的乙醇浸泡的脱脂棉反复擦拭进行表面消毒,再用无菌水漂洗2~3次,晾干后,将融化的石蜡封闭形态学上端截面,灭菌的含水脱脂棉封闭下端截面。使用灭菌处理的打孔器在枝条上打孔,分别将1个病原菌菌饼的菌丝面贴在接种孔部位,菌饼背面贴上无菌水润湿的脱脂棉,接种后的枝条置于消毒的托盘里,用保鲜膜包被托盘,28℃恒温生化培养箱中培养7~9 d后,测量病斑长度并拍照(拍照前用刀片刮除枝条表皮),以接种不含病原菌的培养基为对照。每处理3个枝条,试验重复3次。

鲜枣果接种试验采用针刺接种法,将采摘的新鲜枣果用自来水冲洗,吸水纸擦拭干净后,用70%的乙醇表面消毒3~5 min,再用无菌水清洗2~3次,自然晾干,用灭菌的接种针穿刺枣果的表皮,接种方法与枝条接种相同,28℃恒温培养箱中培养3 d后,观察病斑大小并拍照(拍照前用刀片纵向切除接种部位坏死组织),以接种PDA培养基为对照。每次试验各处理3个枣果,重复3次。

致病力测定完成后,按照组织分离法从发病部位分离病原菌,并进行形态观察,完成柯赫氏法则的验证。

2 结果与分析

2.1 供试菌株的鉴定

供试病原菌分离株的系统进化树如图1所示。结果显示,不同来源的分离株分别与参比菌株葡萄座腔菌(*B. dothidea*)、希氏座腔菌(*Spencermartinsia viticola*)、平截色二孢(*Diplodia mutila*)、色二孢菌(*D. seriata*)和火炬树暗葡萄腔菌(*Phaeobotryon rhois*)聚类在一起,因此,供试的分离株分别归属为葡萄座腔菌属(*Botryosphaeria*)、斯潘氏属(*Spencermartinsia*)、色二孢属(*Diplodia*)和暗葡萄腔属(*Phaeobotryon*),共4属、5种,即*B. dothidea*、*S. viticola*、*D. mutila*、*D. seriata*和*P. rhois*。

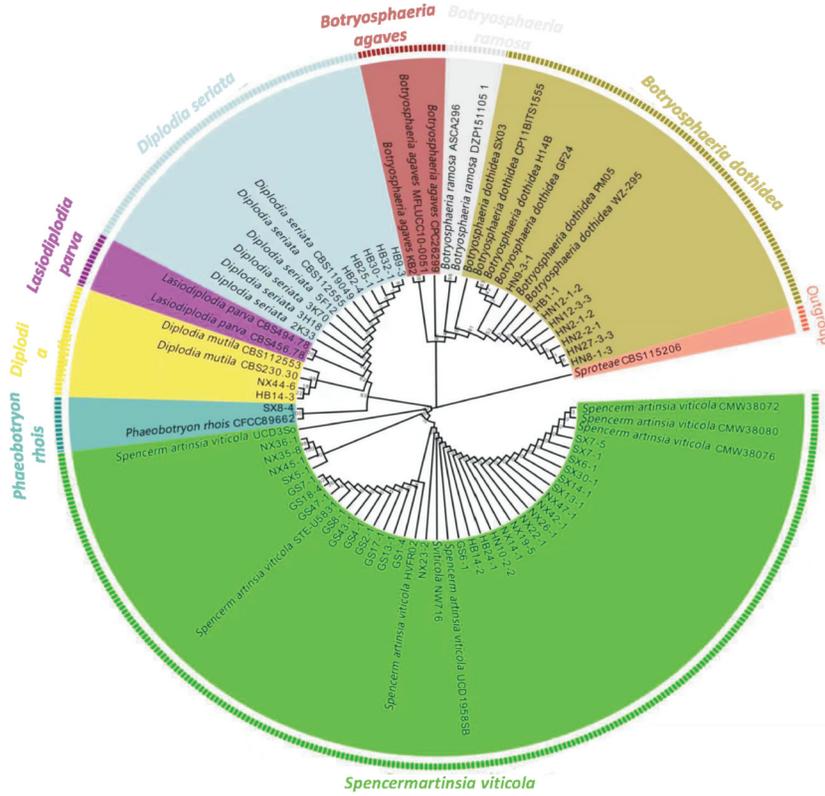


图 1 基于 rDNA-ITS 和 EF-1 α 基因序列构建的供试病原菌系统进化树

Fig. 1 Phylogenetic tree of test pathogens based on rDNA-ITS and EF-1 α sequences

5 个种的代表菌株菌落形态差异明显：*B. dothidea* 菌株菌落呈均一白色菌丝，边缘整齐，气生菌丝浓密；*S. viticola* 菌株菌落同心圆状，边缘菌丝白色，较稀疏，中部菌丝较致密，内部菌丝有黑色素，少量气生菌丝；*D. seriata* 菌株菌落呈均一白色，边缘

菌丝稍稀疏，中部存在较致密的气生菌丝；*D. mutila* 菌株菌落同心圆状，均一白色菌丝，边缘稀疏，中部较致密，少量气生菌丝；*P. rhois* 菌株边缘菌丝齐整但十分稀疏，中部菌丝不齐整致密(图 2)。

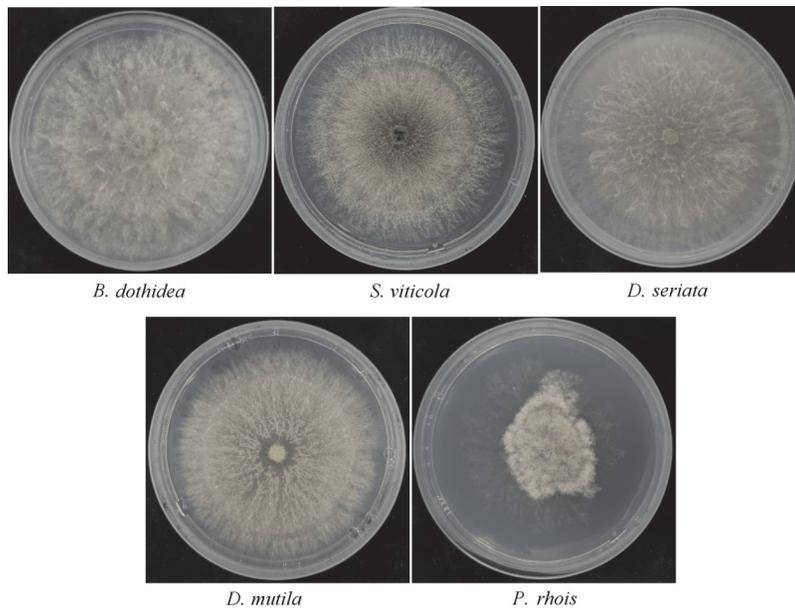
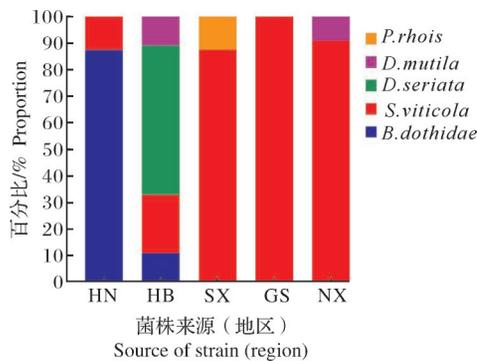


图 2 5 种代表性分离菌株的菌落形态

Fig. 2 The colony morphology of five represent strains

2.2 不同地区枣树干腐病分离株的多样性分析

供试的分离株在不同地区的分布如图3所示。从分离频率来看, *S. viticola* 31株, 分离频率65.96%, 为优势种, 其次为 *B. dothidea* 8株, 分离频率17.02%。从分离株在不同地区的分布情况来看, *S. viticola* 的分布最为广泛, 是5个地区共有的分离株, 而 *P. rhois* 仅分布在山西分离株中。河南分离株包括 *B. dothidea* 和 *S. viticola*, 其中 *B. dothidea* 占80%以上, 为优势分离株类群; 河北分离株包括 *B. dothidea*、*S. viticola*、*D. seriata* 和 *D. mutila* 等4种, 其中, *D. seriata* 占50%以上, 为优势分离株类群; 甘肃分离株均为 *S. viticola*; 山西分离株包括 *S. viticola* 和 *P. rhois*, 其中, *S. viticola* 占80%以上, 为优势分离株类群; 宁夏分离株包括 *S. viticola* 和 *D. mutila*, 其中, *S. viticola* 占90%以上, 为优势分离株类群。



HN、HB、SX、GS和NX分别代表河南、河北、山西、甘肃和宁夏, 下同。HN, HB, SX, GS and NX represent Henan, Hebei, Shanxi, Gansu and Ningxia, respectively. The same as below.

图3 不同地区分离株的分布

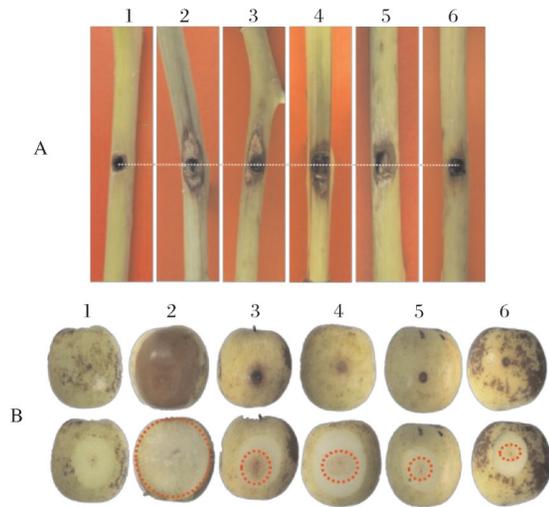
Fig.3 The distribution proportion of isolates in different areas

2.3 枣树干腐病原菌代表性菌株的致病性测定

5个种的代表菌株致病力检测结果表明, 5株供试分离株均可以引起枣树枝干和果实发生褐色坏死, 接种枝条接种处出现近椭圆形的褐色的水渍状病斑, 且病斑边缘处颜色偏深; 接种鲜枣果接种处表皮出现圆形深褐色的病斑, 由病斑处横切后, 果肉呈现近圆形的浅褐色病斑, 病斑呈腐烂坏死状。5种枣树干腐病菌中, *B. dothidea* 的致病力最强, 其次是 *S. viticola*, *P. rhois* 的致病力最弱(图4)。

2.4 枣树干腐病分离株致病力差异分析

不同地区的病原菌致病力检测结果表明, 10株供试分离株均可以在不同程度上引起枣树枝干褐色坏死, 接种枝条接种处出现近椭圆形的褐色的病斑,



A: 枣树1年生枝条接种处理; B: 鲜枣果接种处理。A: Annual jujube branches inoculation treatment; B: Fresh jujube fruit inoculation treatment. 1: CK; 2: *B. dothidea*; 3: *S. viticola*; 4: *D. mutila*; 5: *D. seriata*; 6: *P. rhois*.

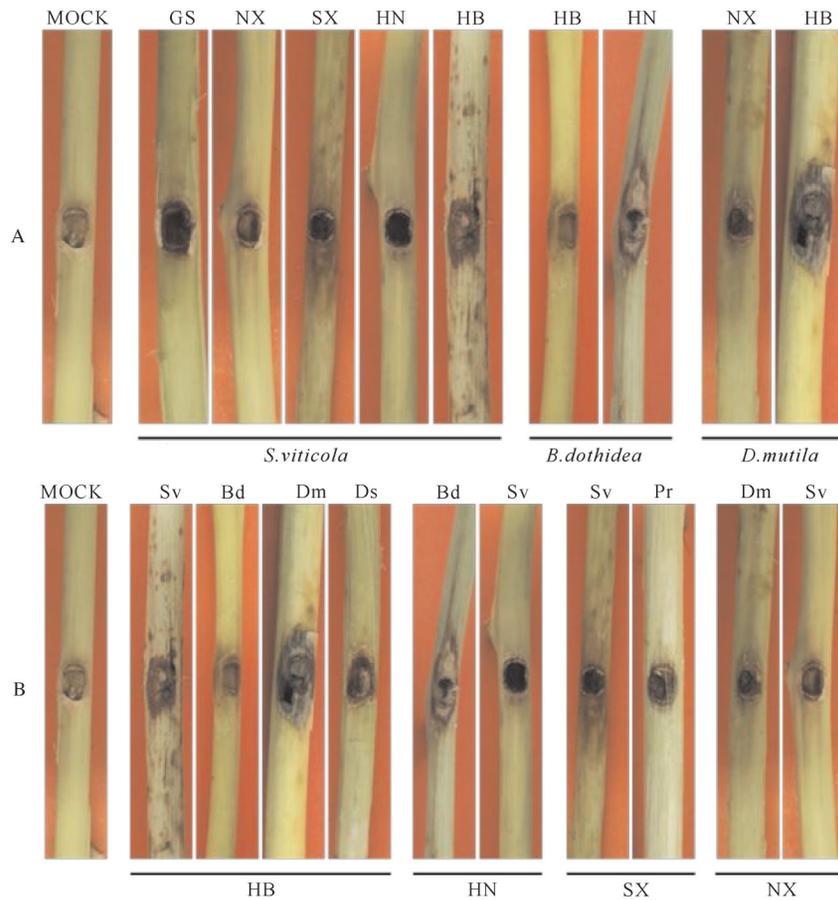
图4 供试分离株的致病性

Fig.4 Pathogenicity of the tested isolates

且病斑边缘处颜色较深。 *S. viticola* 在不同地区分离出来的分离株致病力差异较小, 但依然可以看出明显的差距, 山西和河北的该病原菌致病力较强, 河南、宁夏和甘肃的分离株致病力较弱。 *B. dothidea* 和 *D. mutila* 在不同地区分离出来的分离株致病力差异较大。同一地区中, 河北地区的分离株数量最多, 但不同种的病原菌的菌株之间致病力有较大差异, 其中 *D. mutila* 的致病力最强, *B. dothidea* 致病力最弱。在河南地区的分离株中, 不同种病原菌之间致病力的差异较大, 优势种 *B. dothidea* 的致病力远远强于 *S. viticola*。山西和宁夏的不同分离株之间致病力差异较小。因此, 虽然这5种病原菌均可以引起枣树干腐病, 但是不同地区同种病原菌及同一地区不同病原菌致病力结果之间存在一定的差异(图5)。研究结果说明不同地区的同一种病原菌的菌株间的致病力存在差异, 同一地区的不同种病原菌的菌株间的致病力也有一定的差异。

3 讨论

葡萄座腔菌科(Botryosphaericeae)真菌是一类引起林木和果树溃疡、茎枯、枝枯等多种病害的植物病原菌^[13]。本研究报道了枣树干腐病的病原菌由 *B. dothidea*、*S. viticola*、*D. mutila* (有性态为 *B. stevensii*)、*D. seriata* 和 *P. rhois* 等5种葡萄座腔菌科真菌组成。从分离频率来看, *S. viticola* 的分离频率最



A: 不同地区同一种病原菌接种处理; B: 不同种同一地区的病原菌接种处理。A: The same pathogen from different areas inoculation treatment; B: Fresh jujube fruit inoculation treatment. MOCK: Control; Sv: *S. viticola*; Bd: *B. dothidea*; Dm: *D. mutila*; Ds: *D. seriata*; Pr: *P. rhois*.

图5 不同地区和不同种分离株的致病性

Fig. 5 Pathogenicity of isolates from different regions and different species

高,为优势种,但是,从致病力来看,*B. dothidea*的致病力最强,因此,不同地域枣树干腐病的发生危害程度不同,是否与病原菌的组成以及优势病原菌的致病性相关还有待于进一步扩大样本收集范围和数量。

虽然这5种葡萄座腔菌科病原菌均可以引起枣树干腐病,但是不同地区同种病原菌及同一地区不同病原菌致病力结果之间存在一定的差异,就致病力最强的*B. dothidea*来说,虽然该种的葡萄座腔菌致病力均较强,但河南的分离株和河北的分离株之间致病力仍有差距。不同种葡萄座腔菌分布最广的河北地区,不同种之间致病力也有明显差异。

葡萄座腔菌科及其相关类群历经不同分类单元的变化,广义的葡萄座腔菌类真菌包括以葡萄座腔菌科为主的葡萄座腔菌目中的相关类群^[13]。已报道的林木或果树枝干病害的病原菌多数被描述为葡萄座腔菌或*B. dothidea*复合种。本研究结果中,除*B.*

*dothidea*外,*D. mutila*和*D. seriata*的有性态分别为*B. stevensii*和*B. obtusa*,属于葡萄座腔菌属。此外,*S. viticola*为山西枣树干腐病的优势病原菌的研究结果与赵晓军等^[3]的报道不一致,本研究未从山西分离株中鉴定出*B. dothidea*,可能是样品采集地不同,且分离株的数量有限,代表性不够,因此,要明确山西枣树干腐病病原菌的组成及其优势病原菌还需扩大采样范围并收集更多的分离株。

本研究从5种病原菌的地理分布来看,除河北的枣树干腐病菌有4种病原菌外,其他地区的病原菌仅有2种(河南、山西、宁夏)或1种(甘肃)。表明不同地域的枣树干腐病病原菌组成不同,其优势病原菌也存在一定的差异。这差异的成因可能与地区不同的地理环境、栽培技术和气候条件等差异有关。枣树干腐病发病初期不易发现,5~10 a左右仅在树干形成小洞,20 a左右树液在生长季节外溢,造成树干纵向破腹,形成树洞,病症才得以显示^[14]。5处取样

地区中,河北省的枣树产业起步最早,产业化最广,产量全国第一^[15],因此,病原菌种类的积累量可能较其他地方多。王璠等^[16]发现,葡萄座腔菌具有潜伏侵染的特点,通常作为腐生菌在土壤或植物内生菌在健康的植株中存在,遇到高温、积水、风害等逆境条件,它们便能成功侵染植株,目前发现在潮湿的环境中侵染最严重,侵染随着湿度的下降,分生孢子萌发减少。5处取样地区基本处于同一经度,由河北开始从沿海到内地分布。河北省气候属温带大陆性气候,雨热同季^[17],为葡萄座腔菌的侵染发育及繁殖提供了良好的条件。然而甘肃省地处内地,气候是典型的大陆性气候,气候干燥少雨^[18],气候条件不利于病原菌侵染枣树,由此可能导致甘肃省的葡萄座腔菌种类较少。

参考文献 References

- [1] 赵子俊,林忠敏,赵晓军.山西省枣树主要病害及防治[J].中国果树,2000(1):45.ZHAO Z J, LIN Z M, ZHAO X J. Main diseases and control of jujube trees in Shanxi Province [J]. China fruits, 2000(1):45 (in Chinese).
- [2] 贺学信,王贞锁.如何防治枣树干腐病[J].中国果菜,2004,24(4):29-30.HE X X, WANG Z S. How to prevent dry rot of jujube tree [J]. China fruit and vegetable, 2004, 24(4):29-30 (in Chinese).
- [3] 赵晓军,周建波,赵子俊,等.枣树干腐病原菌的鉴定[J].菌物学报,2009,28(3):332-335.ZHAO X J, ZHOU J B, ZHAO Z J, et al. The pathogen causing stem dry rot of *Ziziphus jujuba* [J]. Mycosystema, 2009, 28(3):332-335 (in Chinese with English abstract).
- [4] 赵晓军,周建波,任璐.枣树干腐病原菌生物学特性研究[J].山西农业大学学报(自然科学版),2011,31(5):434-439.ZHAO X J, ZHOU J B, REN L. Study on biological characteristics of *Fusicoccum aesculi* [J]. Journal of Shanxi Agricultural University (natural science edition), 2011, 31(5):434-439 (in Chinese with English abstract).
- [5] 冯慧静.中国枣树干腐病原——葡萄座腔菌(*Botryosphaeria*)的种类组成及群体遗传分析[D].郑州:河南农业大学,2017.FENG H J. Species composition and population genetic analysis of *Botryosphaeria*, the pathogen of jujube dry rot in China [D]. Zhengzhou: Henan Agricultural University, 2017 (in Chinese with English abstract).
- [6] 赵娜,张伟伟,高小宁,等.中国部分省份苹果轮纹病菌及相关类群的系统学关系[J].西北农林科技大学学报(自然科学版),2011,39(10):123-133.ZHAO N, ZHANG W W, GAO X N, et al. Phylogenetic relationships of *Botryosphaeria dothidea* and its allies in China [J]. Journal of Northwest A & F University (natural science edition), 2011, 39(10):123-133 (in Chinese with English abstract).
- [7] ÚRBEZ-TORRES J R, LEAVITT G M, VOEGEL T M, et al. Identification and distribution of *Botryosphaeria* spp. associated with grapevine cankers in California [J]. Plant disease, 2006, 90(12):1490-1503.
- [8] PHILLIPS A L, LOPES J, ABDOLLAHZADEH J, et al. Resolving the *Diplodia* complex on apple and other Rosaceae hosts [J]. Persoonia, 2012, 29:29-38.
- [9] YAN J Y, XIE Y, ZHANG W, et al. Species of *Botryosphaeria-ceae* involved in grapevine dieback in China [J]. Fungal diversity, 2013, 61(1):221-236.
- [10] 冯慧静,文才艺,尹新明,等.中国枣树干腐病原(*Botryosphaeria dothidea*)群体遗传多样性的ISSR分析[J].果树学报,2017,34(8):977-987.FENG H J, WEN C Y, YIN X M, et al. Population genetic diversity analysis of Chinese jujube branch canker pathogens (*Botryosphaeria dothidea*) in China using ISSR markers [J]. Journal of fruit science, 2017, 34(8):977-987 (in Chinese with English abstract).
- [11] 蔡海滨,涂敏,孙爱花,等.橡胶灵芝菌(*Ganoderma pseudoferreum*)DNA条形码检测筛选[J].热带作物学报,2018,39(11):2225-2234.CAI H B, TU M, SUN A H, et al. *Ganoderma pseudoferreum* identification using ITS1/ITS4 DNA barcode sequences [J]. Chinese journal of tropical crops, 2018, 39(11):2225-2234 (in Chinese with English abstract).
- [12] UDAYANGA D, LIU X Z, CROUS P W, et al. A multi-locus phylogenetic evaluation of *Diaporthe* (*Phomopsis*) [J]. Fungal diversity, 2012, 56(1):157-171.
- [13] 李文英,李夏,解开治,等.葡萄座腔菌科真菌的系统学和多样性探讨[J].生物多样性,2017,25(8):874-885.LI W Y, LI X, XIE K Z, et al. Systematics and species diversity of botryosphaeriaceous fungi [J]. Biodiversity science, 2017, 25(8):874-885 (in Chinese with English abstract).
- [14] 卢晓华,豆忠明,王孟,等.枣树枝干病害的发生规律及防治[J].现代农村科技,2010(24):26-27.LU X H, DOU Z M, WANG M, et al. Occurrence regularity and control of jujube branch diseases [J]. Xiandai nongcun keji, 2010(24):26-27 (in Chinese).
- [15] 邵学红,王振亮,李庆国.河北省枣树生产中存在的主要问题及对策[J].经济林研究,2010,28(2):118-121.SHAO X H, WANG Z L, LI Q G. Problems and countermeasures in production of *Ziziphus jujube* Mill in Hebei Province [J]. Nonwood forest research, 2010, 28(2):118-121 (in Chinese with English abstract).
- [16] 王璠,黄俊斌,李国怀.葡萄座腔菌属(*Botryosphaeria*)引起的果树病害及研究进展[J].植物保护,2013,39(6):7-13.WANG F, HUANG J B, LI G H. Occurrence of and progress in fruit tree diseases caused by *Botryosphaeria* spp. [J]. Plant protection, 2013, 39(6):7-13 (in Chinese with English abstract).
- [17] 张青文,林昌善,张一宾.河北省农业气候资源与气候生产潜力[J].华北农学报,1989,4(3):54-59.ZHANG Q W, LIN C S, ZHANG Y B. Agricultural climatic resources and climatic productive potentialities in Hebei Province [J]. Acta agriculturae boreali-

- sinica, 1989, 4(3): 54-59 (in Chinese with English abstract).
 [18] 邓振镛, 谢金南, 刘德祥, 等. 甘肃气候资源特点与开发利用[J]. 甘肃气象, 1998, 16(2): 16-19. DENG Z Y, XIE J N, LIU D X, et al. Characteristics and exploitation of climate resources in Gansu Province [J]. Gansu meteorology, 1998, 16(2): 16-19 (in Chinese).

Identification and diversity analysis of fungal pathogen of jujube dry rot in different areas

MENG Haoguang¹, WEI Chenxing¹, QI Weizheng², WEN Caiyi¹,
 WANG Liuchao³, WAN Xinru¹, ZANG Rui¹, ZHAO Ying¹

1. College of Plant Protection, Henan Agricultural University, Zhengzhou 450002, China;
 2. Managing Department of Afforestation Engineering of Zhengzhou, Zhengzhou 450006, China;
 3. Xinzheng Forestry Bureau of Henan Province, Xinzheng 451100, China

Abstract In order to effectively control jujube dry rot disease, 47 fungal isolates of jujube dry rot plaques from different sources were identified and characterized by using sequence analysis of internal transcribed spacer (ITS) and elongation factor 1 α (*EF-1 α*) genes and indoor inoculation method, and their distribution characteristics and virulence differences were analyzed. The distribution characteristics and differences in pathogenicity were also studied. The results showed that *Botryosphaeria dothidea*, *Spencer-martinsia viticola*, *Diplodia mutila*, *D. seriata*, and *Phaeobotryon rhois* were identified as the major pathogens causing jujube dry rot. Among them, the isolation frequency of *S. viticola* was the highest (65.96%), followed by that of *B. dothidea* (17.02%). The dominant pathogens were different in different regions. *B. dothidea* and *D. seriata* were the predominant species in Henan and Hebei areas, and *S. viticola* was the predominant species in Shanxi, Gansu, and Ningxia areas. The pathogenicity of different pathogens to jujube tree was different, and the results indicated that the pathogenicity of *B. dothidea* was the highest and that of *P. rhois* was the weakest. The results of this study showed that the pathogens of jujube dry rot were mainly composed of 5 species in the Botryosphaericeae family, and the dominant pathogens were different in different regions. In terms of pathogenicity, the pathogenicity of different strains of the same pathogen varies in different regions, and the pathogenicity of different strains of pathogens in the same region also varies. The results of this study provide reference for the precise prevention and control of jujube dry rot in different areas.

Keywords jujube dry rot; pathogenic fungi; pathogens identification; pathogenicity; regional differences

(责任编辑:边书京)