

引用格式: 柏乾, 王占斌, 冯连荣, 等. 辽宁省杨树叶锈病病原菌的鉴定[J]. 浙江农林大学学报, 2025, 42(6): 1192–1200. BAI Qian, WANG Zhanbin, FENG Lianrong, *et al.* Pathogen identification of poplar leaf rust diseases in Liaoning Province[J]. *Journal of Zhejiang A&F University*, 2025, 42(6): 1192–1200.

辽宁省杨树叶锈病病原菌的鉴定

柏 乾^{1,2}, 王占斌^{1,2}, 冯连荣³, 王诗琦³, 刘 巍³, 彭儒胜³

(1. 东北林业大学 林学院, 黑龙江 哈尔滨 150040; 2. 东北林业大学 东北亚生物多样性研究中心, 黑龙江 哈尔滨 150040; 3. 辽宁省杨树研究所, 辽宁 盖州 115213)

摘要: 【目的】栅锈菌属 *Melampsora* 病原菌引起的杨树 *Populus* spp. 叶锈病是分布最广、危害最严重的杨树叶部病害之一。明确辽宁省杨树国家林木种质资源基地杨树叶锈病的发生情况及病原菌物种多样性, 为东北地区杨树叶锈病的早期预警和防控提供重要依据。【方法】于 2024 年 10 月在辽宁省杨树国家林木种质资源基地和辽宁省杨树研究所共采集到 39 份杨树叶锈病样本。通过光学显微镜和扫描电镜对发生在两地的杨树叶锈病菌的夏孢子和冬孢子的形态特征进行观察, 同时提取病原菌的基因组 DNA, 基于 rDNA ITS 和 28S 测序分析, 构建系统发育树, 结合形态学和分子系统发育分析对病原菌进行鉴定。【结果】在 39 份病原菌中, 36 份被鉴定为松杨栅锈菌 *M. laricis-populina*, 2 份为北美栅锈菌 *M. medusae*, 1 份为山杨栅锈菌 *M. populnea*。其中, 北美栅锈菌是中国重要的对外检疫有害生物, 本次检测为在中国东北地区首次发现。【结论】共发现 3 种栅锈菌属病原菌, 并首次在中国东北地区发现了对外检疫性有害生物北美栅锈菌。图 6 表 2 参 38

关键词: 杨树叶锈病; 形态学观察; 分子检测; 栅锈菌属

中图分类号: S763 文献标志码: A 文章编号: 2095-0756(2025)06-1192-09

Pathogen identification of poplar leaf rust diseases in Liaoning Province

BAI Qian^{1,2}, WANG Zhanbin^{1,2}, FENG Lianrong³, WANG Shiqi³, LIU Wei³, PENG Rusheng³

(1. School of Forestry, Northeast Forestry University, Harbin 150040, Heilongjiang, China; 2. Northeast Asian Biodiversity Research Center, Northeast Forestry University, Harbin 150040, Heilongjiang, China; 3. Liaoning Provincial Institute of Poplar, Gaizhou 115213, Liaoning, China)

Abstract: [Objective] Poplar leaf rust diseases, caused by fungi of the genus *Melampsora*, are one of the most widespread and harmful foliar diseases affecting poplar trees. This study aims to elucidate the occurrence of poplar leaf rust disease and the species diversity of its pathogens at the National Poplar Germplasm Resources Base in Liaoning Province, China. [Method] In October 2024, the 39 samples of poplar leaf rust disease were collected from the National Poplar Germplasm Resources Base in Liaoning Province and Liaoning Provincial Institute of Poplar, China. The morphological characteristics of urediniospores and teliospores of poplar leaf rust disease from the 2 locations were observed using an optical microscope and scanning electron microscope. Meanwhile, the genomic DNA of the pathogen was extracted, and the phylogenetic tree was constructed by rDNA ITS and 28S sequencing analysis. The pathogens were identified through a combination of morphological and molecular phylogenetic analyses. [Result] The results indicated that 36 samples were identified as *M. laricis-populina*, 2 samples were *M. medusae*, and 1 sample was *M. populnea*. *M. medusae*, a significant

收稿日期: 2025-01-19; 修回日期: 2025-06-08

基金项目: 东北亚生物多样性研究中心项目 (411147021003); 辽宁省林业和草原局 2024 年度依托国家林业和草原局科技创新平台研发项目 (LLC [2024] 18)

作者简介: 柏乾 (ORCID: 0009-0009-6519-7936), 从事森林病理学研究。E-mail: baiqian1118@163.com。通信作者: 王占斌 (ORCID: 0009-0004-0228-004X), 副教授, 博士, 从事森林病理学研究。E-mail: wangzbcchina@163.com

quarantine species in China, was detected for the first time in Northeastern China. [Conclusion] The 3 species of *Melampsora* were discovered in Liaoning. This study also represents the first detection of the exotic quarantine pathogen *M. medusae* in Northeastern China. [Ch, 6 fig. 2 tab. 38 ref.]

Key words: poplar leaf rust disease; morphological observation; molecular detection; *Melampsora*

杨树 *Populus* spp. 生长迅速，木材质量优良，对环境的适应能力强，在中国东北地区被大规模栽培，是重要的用材林、生态防护林和城市绿化树种。然而，由于造林树种选择、造林方法不当、栽培区域地理条件 and 环境因素复杂多变等问题，使得杨树在生长过程中会遭受到多种病虫害威胁，其中以病害尤为突出，已对林业生产和生态建设造成巨大的经济损失^[1-3]。杨树病害种类繁多、危害严重，由栅锈菌属 *Melampsora* 真菌导致的叶锈病是分布最广、危害最严重的杨树病害之一^[4-5]。目前，全球范围内已报道的杨树栅锈菌包括 17 个种 2 个专化型和 2 个杂交种^[6]。自从在中国首次发现由栅锈菌属真菌引起的杨树叶锈病以来，中国杨树已报道的栅锈菌共 10 种^[7-14]。其中，北美栅锈菌 *M. medusae* 被列为中国重要的对外检疫性有害生物。该物种原产于北美洲东部，其主要寄主之一为美洲黑杨 *P. deltoides*^[15]。北美栅锈菌可通过气流传播，适应性强，易在温暖潮湿的环境中繁殖，一旦侵入新的区域，可迅速建立种群，导致杨树叶片早期脱落，生长受阻，木材品质下降，进而影响生态系统 and 经济效益^[16]。该病菌已逐渐传播至全球多个地区，目前已被日本、印度和欧洲等国家和地区列为检疫性有害生物^[17]。北美栅锈菌与中国本土流行的松杨栅锈菌 *M. laricis-populina* 在形态特征和寄主谱范围等方面具有高度的相似性，危害极为严重，并展现出较强的扩散趋势^[18]。20 世纪 70 年代，中国开始引种美洲黑杨，其推广种植为林业发展提供了重要支撑^[19]。北美栅锈菌的潜在威胁也随之引起关注。2019 年，中国首次报道在陕西、四川和河南等地发现北美栅锈菌，其寄主包括中华红叶杨 *P. ‘Zhonghua Hongye’*、川杨 *P. szechuanica*、小叶杨 *P. simonii* 和滇杨 *P. yunnanensis*^[14]。

以往栅锈菌属物种的研究主要是以夏孢子的形态特征作为分类依据，但杨树栅锈菌夏孢子结构较为简单，且同属种之间的夏孢子形态高度相似，因此在夏孢子形态特征的基础上结合 DNA 条形码相互印证，同时借助电子显微镜进一步对显微特征观察以提高鉴定的准确性^[6, 12, 20]。蓝燕等^[18]通过建立可视化环介导等温扩增-羟基萘酚蓝 (LAMP-HNB) 检测体系，成功区分并鉴定了北美栅锈菌和松杨栅锈菌，为栅锈菌的快速检测提供了新方法。胥卓尔等^[21]通过对河北和北京地区杨树叶锈病的调查，利用分子生物学技术将北美栅锈菌的 ITS (internal transcribed spacer) 序列与栅锈菌属其他不同种类的 ITS 序列进行比对分析，以实现精准鉴定。

辽宁省杨树国家林木种质资源基地和辽宁省杨树研究所是中国重要的杨树种质保存与研究基地，收集并保存了丰富的杨树种质资源。两地在杨树叶锈病的监测与防控方面具有典型性，可为病原菌的种类鉴定、传播监测及防控策略研究提供可靠的样本来源和科学依据。本研究采用形态学观察结合分子生物学的方法对在两地采集到的样本进行鉴定，明确杨树叶锈病的具体种类，以期为杨树叶锈病病菌遗传多样性分布以及检疫性有害生物北美栅锈菌的传播检测提供重要的科学依据和基础信息。

1 材料与方法

1.1 材料

2024 年 10 月在辽宁省锦州市黑山县新兴镇辽宁省杨树研究所管辖的杨树国家林木种质资源基地共采集到 37 份叶锈病样本，在盖州市辽宁省杨树研究所院内采集到 2 份叶锈病标本。所有样本带回实验室进行观察与鉴定。

1.2 形态学观察与鉴定

参照纪景欣^[22]的方法对采集的叶锈病样本进行光学显微镜的观察并鉴定。取少量感病叶片，挑取夏孢子，以乳酚油为载体制作叶锈病玻片，并在 Olympus BX51 光学显微镜下观察其形态。同时，制作夏孢子堆和冬孢子堆的纵切片，仍以乳酚油为载体，利用 Olympus BX51 光学显微镜进行观察。扫描电镜的观察参照 ZHAO 等^[23]的方法对感病叶片制备扫描电镜样本。将样本置于 Apreo S HiVac 扫描电子显微

镜下,观察夏孢子堆、侧丝和夏孢子的微观结构。随机选取每种样本中的100个夏孢子进行拍摄,并通过Photoshop 2023软件测量长度、宽度及刺间距等参数。使用SPSS 27.0进行统计分析,采用单因素方差分析(ANOVA)对数据进行差异显著性检验,显著性水平设为0.05。

1.3 DNA提取及PCR扩增测序

使用DNA提取试剂盒(Plant Genomic DNA Kit)提取各样品的DNA。以提取的栅锈菌基因组DNA为模板,用ITS引物Y3(5'-CCTGCGGAAGGATCATTATT-3')和Y4(5'-TAAGTTCAGCGGGTAGTCCC-3')^[24],以及28S引物NL1(5'-GCATATCAATAAGCGGAGGAAAAG-3')和NL4(5'-GGTCCGTGTTTCAA GACGG-3')进行PCR扩增。PCR反应体系参考文献[22],反应总量为25 μ L,包括:2 $\times$ Taq Plus Master Mix 12 μ L、双蒸水9 μ L、正向引物1 μ L、反向引物1 μ L、模板DNA 2 μ L。PCR反应程序为:94 $^{\circ}$ C预变性3 min;随后反应35个循环,包括94 $^{\circ}$ C变性30 s、退火30 s(ITS为54 $^{\circ}$ C,28S为58 $^{\circ}$ C)、72 $^{\circ}$ C延伸3 min;最后72 $^{\circ}$ C延伸10 min,反应结束后4 $^{\circ}$ C保温。PCR产物通过质量分数为1%的琼脂糖凝胶电泳检测,筛选出电泳条带清晰,且大小与预期一致的样品进行测序。测序结果首先使用SnapGene软件(GSL Biotech)检查测序峰图质量,随后将序列上传至美国国家生物技术信息中心(NCBI)的GenBank数据库,进行序列搜索和同源性比对,以明确菌株的分类和种类。

1.4 系统发育树构建

利用39份样本的ITS与28S序列数据,以及从GenBank数据库和相关文献中搜集的栅锈菌属不同种的ITS与28S序列数据78个^[12, 14, 25-28](<https://zlxb.zafu.edu.cn/article/doi/10.11833/j.issn.2095-0756.20250118>),包括对外检疫性杨树叶锈病菌——北美栅锈菌的序列信息,以杜鹃金锈菌*Chrysomyxa rhododendri*作为外群,采用MEGA11软件的最大似然法(ML)分别构建ITS与28S序列系统发育树,并通过1 000次Bootstrap重复计算分支支持率,评估系统发育树的可靠性,以明确栅锈菌属不同种之间的亲缘关系。

2 结果与分析

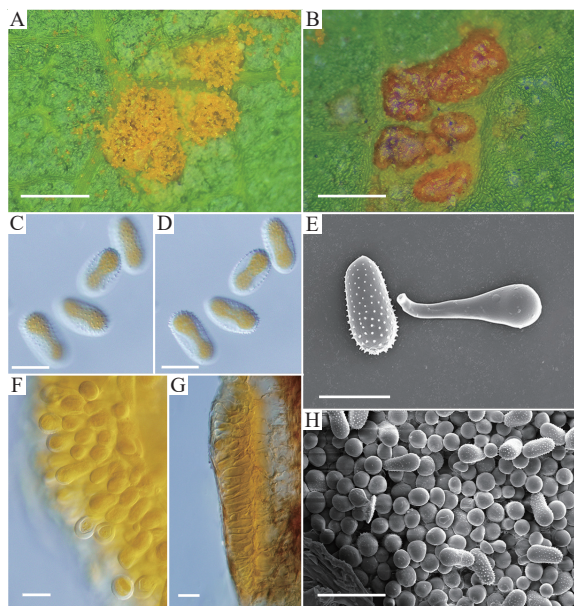
2.1 杨树叶锈病症状与形态学观察

采自黑山县的35份样本与盖州市的1份样本在微观结构上具有相似性。夏孢子堆叶背面生,表皮下生,橘黄色,近圆形,直径0.3~1.0 mm,有粉末状夏孢子附着;夏孢子呈长椭圆形至棍棒状,橘黄色,(18.21~34.98) μ m $\times$ (11.58~18.36) μ m,基部和顶部壁较薄,赤道处壁增厚;夏孢子基部刺大而尖,刺间距较近,越接近顶部刺越小且刺间距越远,顶部刺消失,且光滑,刺间距为1.1~2.4 μ m;侧丝呈棍棒状至头状,顶部较厚;冬孢子堆叶正面生,多为散生或聚生,形状不规则;冬孢子圆柱状,橘黄色,以栅栏状排列(图1)。上述特征与纪景欣^[22]描述的松杨栅锈菌的形态特征一致,因此初步将这些叶锈病样本鉴定为松杨栅锈菌。

采自盖州市辽宁省杨树研究所院内的另一份样本观察结果发现,夏孢子堆叶背面生,表皮下生,淡黄色或土黄色,直径0.3~0.6 mm;夏孢子呈球形至倒卵形,黄色或浅黄色,(11.23~27.87) μ m $\times$ (10.82~24.38) μ m,壁厚度在基部和顶部相同,仅在赤道部位略微增厚;夏孢子具刺,刺间距为1.2~1.8 μ m;侧丝呈纺锤状至头状,壁较厚;冬孢子堆黑褐色,多边形;冬孢子棱柱形,黄色,以栅栏状排列(图2)。以上特征与姜宁等^[7]对山杨栅锈菌*M. populnea*的描述相似,因此将该样本的叶锈病初步鉴定为山杨栅锈菌。

在黑山县采集到的37份样本中,有2份样本与其他的样本的微观结构有着明显的区别,其夏孢子堆叶背面生,金黄色或橘黄色,直径0.6~1.2 mm;夏孢子椭圆形至卵形,黄色或金黄色,(20.11~31.26) μ m $\times$ (11.29~17.61) μ m,壁在赤道部略微增厚;夏孢子具刺,但在赤道处刺消失,形成光滑区,区域通常占赤道区的一半以上,且光滑区附近的刺较小,刺间距为0.9~2.2 μ m;侧丝呈头状;冬孢子堆散生,黄褐色,圆形至不规则形;冬孢子圆柱形至角形,黄褐色,并以栅栏状排列(图3)。上述特征与ZHENG等^[14]描述的北美栅锈菌的特征一致,因此初步将这2份样本的叶锈病鉴定为北美栅锈菌。

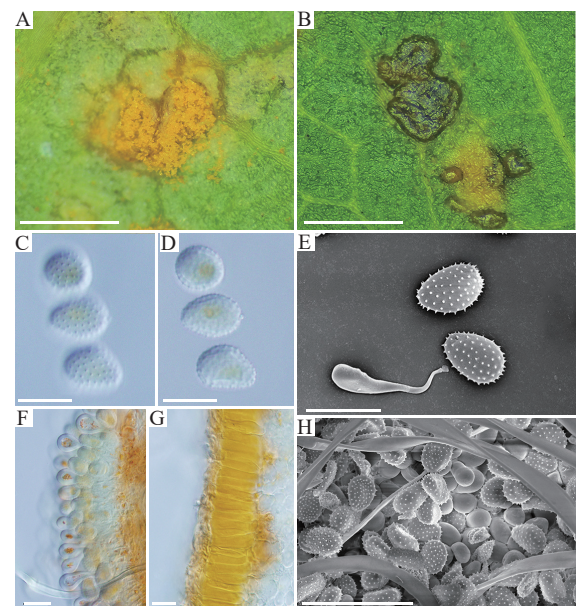
扫描电子显微镜的夏孢子观察结果表明:3种栅锈菌的夏孢子堆从叶片下表皮隆起并破裂,形状以圆形为主,大多数为不规则形,夏孢子与侧丝混合分布于夏孢子堆内,因此仅通过夏孢子堆的外观难以进行种类鉴定(图4 A~C)。但是3种杨树栅锈菌的夏孢子形态、表面疣刺差异均比较明显(图4 D~I,表1~2),因此,夏孢子的形态特征可作为对杨树栅锈菌进行初步分类鉴定的依据。



A. 夏孢子堆; B. 冬孢子堆; C和D. 夏孢子; E. 夏孢子与侧丝; F. 侧丝; G. 冬孢子堆; H. 夏孢子堆。比例尺: A和B为1 mm; C~G为20 μ m; H为50 μ m。

图 1 松杨栅锈菌显微结构

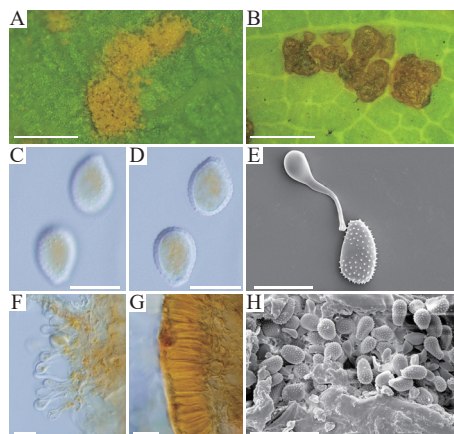
Figure 1 Microstructure of *M. laricis-populina*



A. 夏孢子堆; B. 冬孢子堆; C和D. 夏孢子; E. 夏孢子与侧丝; F. 侧丝; G. 冬孢子堆; H. 夏孢子堆。比例尺: A和B为1 mm; C~G为20 μ m; H为50 μ m。

图 2 山杨栅锈菌显微结构

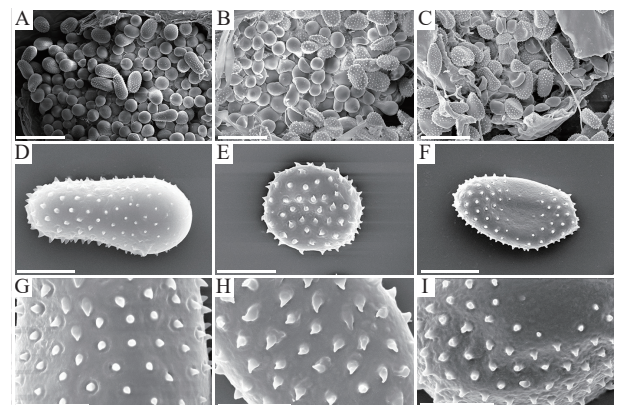
Figure 2 Microstructure of *M. populnea*



A. 夏孢子堆; B. 冬孢子堆; C和D. 夏孢子; E. 夏孢子与侧丝; F. 侧丝; G. 冬孢子堆; H. 夏孢子堆。比例尺: A和B为1 mm; C~G为20 μ m; H为50 μ m。

图 3 北美栅锈菌显微结构

Figure 3 Microstructure of *M. medusae*



A、D、G. 松杨栅锈菌的夏孢子堆、夏孢子和疣刺; B、E、H. 山杨栅锈菌的夏孢子堆、夏孢子和疣刺; C、F、I. 北美栅锈菌的夏孢子堆、夏孢子和疣刺。比例尺: A~C为50 μ m; D~F为10 μ m; G~I为5 μ m。

图 4 3 种杨树叶锈病病原菌电镜比较

Figure 4 Comparison of 3 pathogens of poplar rust under electron microscope

2.2 DNA 系统发育分析

通过测序获得 39 份样本的 ITS 和 28S 序列合格, 均可用于后续分析。将 39 份样本提交到 NCBI 进行相似性比对后, 明确其种类, 并将序列上传至 NCBI 获得相应的登录号 (<https://zlxb.zafu.edu.cn/article/doi/10.11833/j.issn.2095-0756.20250118>)。基于寄主分布的广泛性考虑, 从采集的松杨栅锈菌样本中选取了寄主为小黑杨 *P. simonii* $\times$ *P. nigra* NEFU-LN8、小叶杨 *P. simonii* NEFU-LN9、小青杨 *P. pseudosimonii* NEFU-LN20、北京杨 *P. $\times$ beijingensis* NEFU-LN29 和加杨 *P. $\times$ canadensis* NEFU-LN34 的序列用于构建系统发育树。

利用最大似然法分别构建 ITS 与 28S 系统发育树后发现: ITS 序列系统发育树分为 13 个大分支 (图 5), 本研究选取的 NEFU-LN8、NEFU-LN9、NEFU-LN20、NEFU-LN29 和 NEFU-LN34 样本的序列与松杨栅锈菌聚为一支, 与形态学鉴定结果一致; 而 84K 杨 *P. alba* $\times$ *P. glandulosa* NEFU-LN39 样本的序列与

Melampsora laricis 聚为一支, 根据 Index Fungorum (Index Fungorum Home Page) 的信息, *M. laricis* 为山杨栅锈菌的同物异名, 因此 NEFU-LN39 样本的栅锈菌被鉴定为山杨栅锈菌, 同样与形态学鉴定结果一致; 而西丰杨 *P. deltoides* × *P. cathayana* ‘Xifeng’ NEFU-LN37 和辽宁杨 *P. × liaoningensis* NEFU-LN38 样本的序列与北美栅锈菌聚为一支, 表明该病原菌为北美栅锈菌。利用 28S 序列构建的系统发育树中 (图 6), NEFU-LN8、NEFU-LN9、NEFU-

表 1 3 种杨树叶锈病病原菌夏孢子大小比较

Table 1 Comparison of urediniospores size of 3 poplar rust pathogens

病原体	夏孢子		
	长/ μm	宽/ μm	刺间距/ μm
松杨栅锈菌	30.47±3.58 a	15.57±1.27 a	1.46±0.33 a
山杨栅锈菌	17.37±1.61 c	14.14±1.14 b	1.43±0.16 a
北美栅锈菌	23.77±6.00 b	12.99±1.17 c	1.43±0.26 a

说明: 数据为平均值±标准差, 同列不同小写字母表示差异显著 ($P<0.05$, $n=100$)。

表 2 3 种杨树叶锈病病原菌夏孢子形态及疣刺比较

Table 2 Comparison of urediniospores morphology and spines of 3 poplar rust pathogens

病原菌	夏孢子	疣刺
松杨栅锈菌	夏孢子基部较小, 顶部较大, 且在赤道处有明显的缢缩, 顶部具有光滑区	疣刺细小而尖锐, 靠近顶部刺变稀疏, 刺间距平均值为(1.46±0.33) μm
山杨栅锈菌	夏孢子近圆形, 赤道处无缢缩, 基部和顶部无光滑区	疣刺粗大, 在表面均匀分布, 刺间距平均值为(1.43±0.16) μm
北美栅锈菌	夏孢子近卵圆形, 赤道处无缢缩, 但有明显的光滑区, 基部和顶部无光滑区	疣刺较短且钝, 且越接近赤道光滑区刺越短小, 刺间距平均值为(1.43±0.26) μm

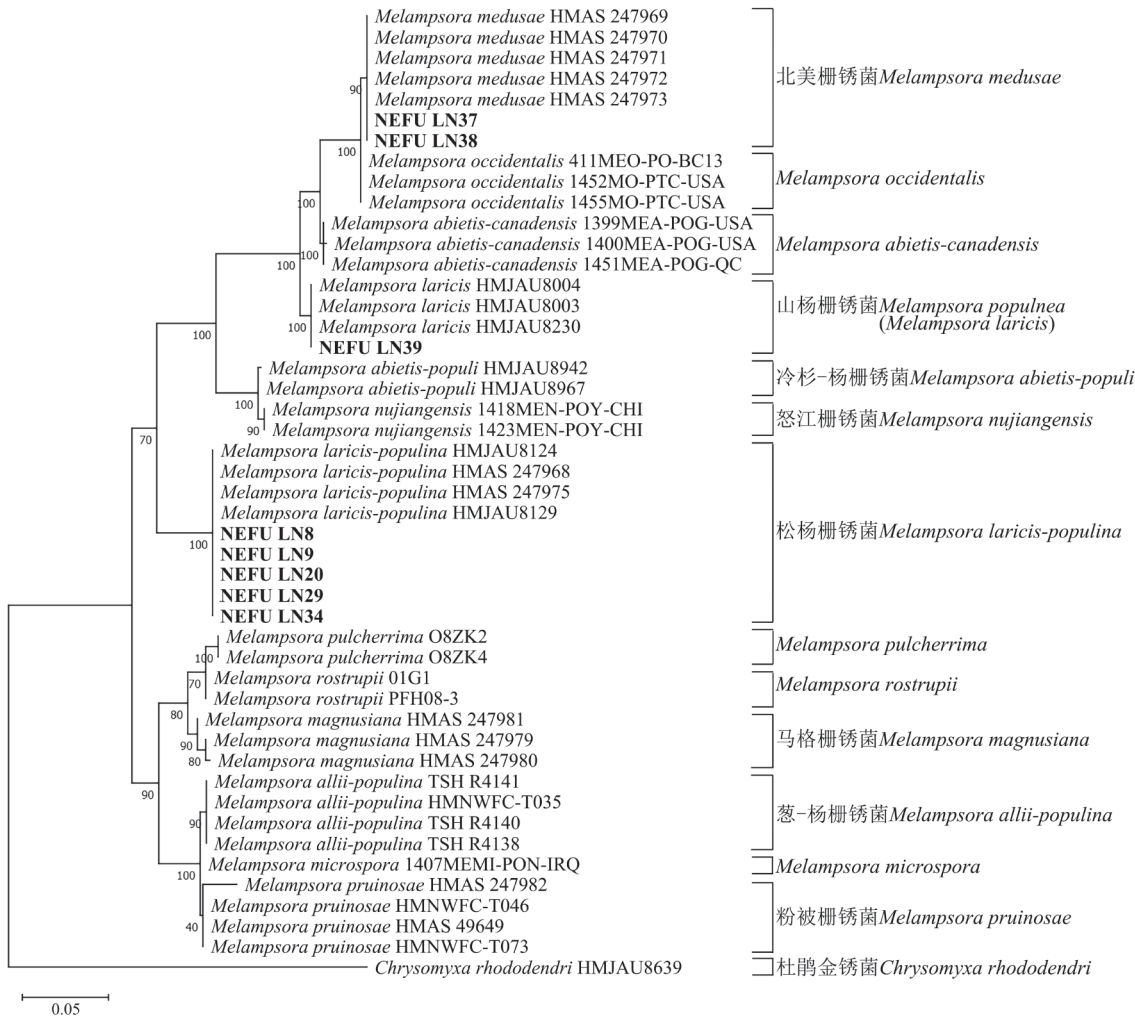


图 5 基于 rDNA ITS 序列采用最大似然法构建的栅锈菌系统发育树
Figure 5 Phylogenetic tree of *Melampsora* spp. based on ITS of rDNA using maximum likelihood

LN20、NEFU-LN29 和 NEFU-LN34 样本的序列与松杨栅锈菌聚为一支；NEFU-LN39 样本的序列与 *Melampsora laricis* 聚为一支；NEFU-LN37 和 NEFU-LN38 样本的序列与北美栅锈菌聚为一支，与 ITS 序列鉴定结果一致。这也是北美栅锈菌在中国东北地区被首次发现。

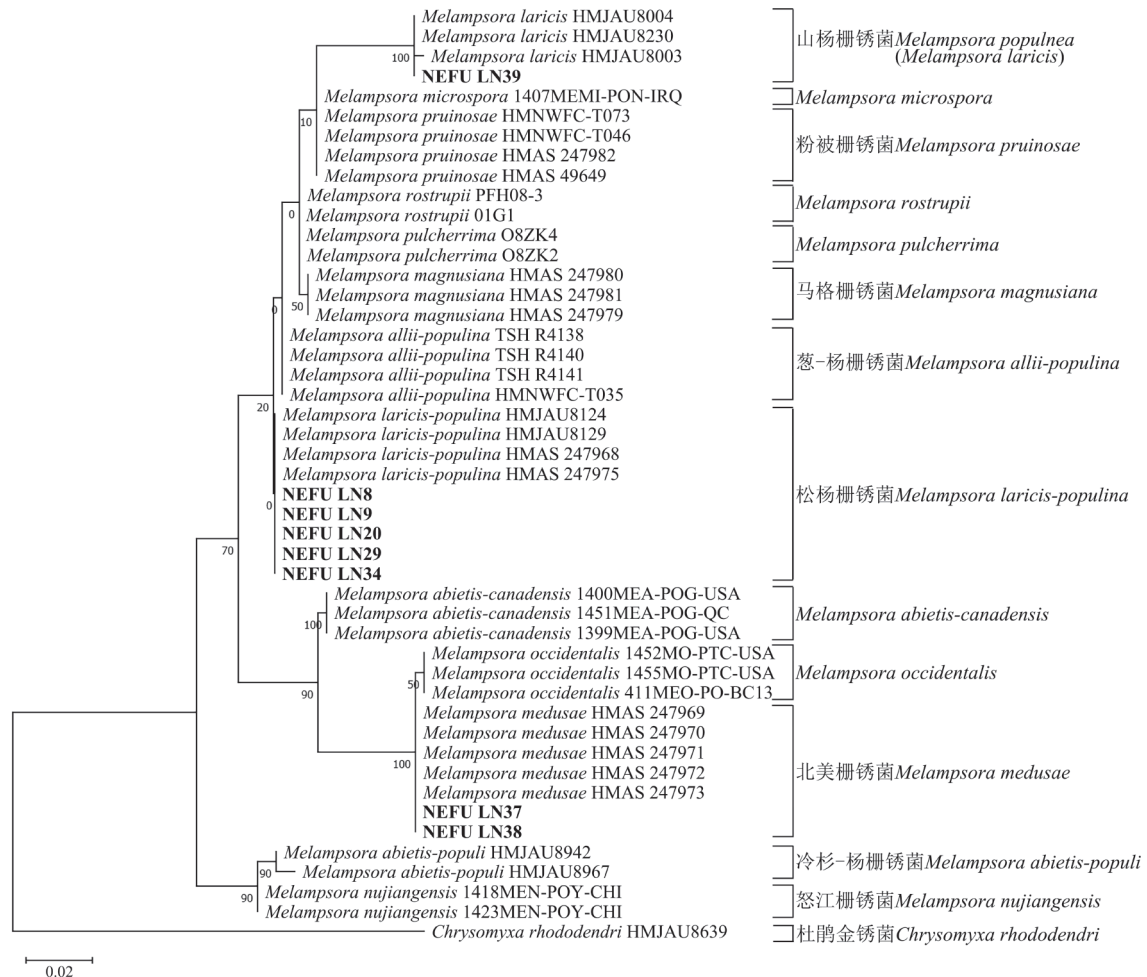


图 6 基于 rDNA 28S 序列采用最大似然法构建的栅锈菌属系统发育树

Figure 6 Phylogenetic tree of *Melampsora* spp. based on 28S of rDNA using maximum likelihood

3 讨论

杨树叶锈病是杨树上发生最为普遍且严重的病害之一，在一些地区可能导致显著的生态问题 and 经济损失^[29-30]。据统计，在中国该病害对杨树幼苗和幼树的危害可造成 31%~42% 的材积损失，严重制约了杨树用材林及防护林的可持续发展^[31]。针对杨树叶锈病病原分类和鉴定开展了大量研究，由于不同种类的锈菌在形态上高度相似，尤其是夏孢子的形态和大小存在重叠，仅凭形态学特征进行鉴定易导致结果偏差，导致鉴定和分类问题一直存在争议。袁毅^[9]首次系统调查了中国杨树栅锈菌，通过夏孢子的形态特征将中国发生的杨树栅锈菌分为 7 类。戴玉成^[32]对杨树上发生的栅锈菌通过数量分类学方法，讨论了栅锈菌之间的进化关系，认为杨树栅锈菌有 14 种。TIAN 等^[12]通过光学显微镜和扫描电子显微镜观察发现：不同地区采集的杨树叶锈病标本在形态特征上被分为 5 类，但通过分子鉴定则划分为 6 类。姜宁等^[7]进一步对中国杨树叶锈病进行了形态学与分子数据相结合的系统整理，将杨树栅锈菌划分为 8 类，成为当前较广泛接受的分类体系。上述研究表明，仅依赖形态学鉴定难以解决杨树叶锈病分类中的难题，形态学与分子技术相结合已成为目前最为流行且可靠的鉴定方法^[33]。

本研究结合形态学观察和分子鉴定技术手段，对辽宁省采集的 39 份样本进行鉴定，共鉴定到松杨栅锈菌、山杨栅锈菌和北美栅锈菌 3 种栅锈菌。通过对这 3 种栅锈菌夏孢子的大小及刺间距的比较分析发现，松杨栅锈菌的夏孢子显著大于 XIE 等^[34]在长春采集的样本；山杨栅锈菌的夏孢子的大小与姜宁

等^[7]和刘铁志^[35]的描述基本一致;北美栅锈菌的夏孢子小于 ZHENG 等^[14]在陕西和四川采集的样本,但与周妍等^[36]在湖北和江苏采集的样本基本一致。这些结果进一步验证了不同地理区域内,由于气候和寄主等因素,导致同种病原菌在形态学特征出现差异,同时表明结合形态学与分子技术的鉴定方法在明确病原菌种类上的必要性和科学性。

GB/T 33124—2016《杨树叶锈病菌检疫鉴定方法》^[37]以形态学特征为基础规定了栅锈菌的鉴定方法,适用于包括白杨 *P. balsamifera*、黑棉杨 *P. balsamifera* subsp. *trichocarpa*、美洲黑杨以及落叶松属 *Larix*、松属 *Pinus*、美国花旗松 *Pseudotsuga menziesii* 上的锈病菌的检疫和鉴定。然而,仅依赖形态学特征并不足以区分。例如 *M. abietis-canadensis* 的夏孢子在赤道处也具有光滑区,易与北美栅锈菌混淆^[14]。因此,结合分子生物学技术是提高鉴定准确性的关键手段。

本研究中,在西丰杨和辽宁杨上首次发现了北美栅锈菌。西丰杨为美洲黑杨与青杨 *P. cathayana* 的杂交品种,美洲黑杨已知是北美栅锈菌的主要寄主之一^[38]。但辽宁杨并非美洲黑杨的杂交品种,也成为了北美栅锈菌的寄主。此外,在辽宁省的杨树国家林木种质资源基地中,虽然存在许多美洲黑杨的杂交品种,如‘西雄1号’ *P. × euramericana* ‘Xixiong1’、‘白皮箭’ *P. × euramericana* ‘Baipijian’ 和‘帝国杨’ *P. deltoides* ‘Imperial’ 等,以及美洲黑杨与青杨的杂交品种‘中金杨’ *P. deltoides* × *P. cathayana* ‘Zhongjin’,但这些品种并未被北美栅锈菌感染。这种寄主选择性的差异值得进一步研究。

与大多数栅锈菌类似,北美栅锈菌需要通过转主寄生完成生活史,已知的转主寄主包括落叶松 *L. gmelinii* 和美国花旗松^[15]。然而在中国,北美栅锈菌的转主寄主尚未明确,可能涉及落叶松属和黄杉属 *Pseudotsuga*,这一假设需进一步验证。此外,目前北美栅锈菌仅在辽宁省的杨树国家林木种质资源基地被发现,东北其他地区尚未开展此类调查研究。因此,北美栅锈菌在东北地区其他区域是否存在,其潜在的传入途径和传播机制亟待更进一步调查并采取相应的措施。

4 结论

本研究结合形态学观察和分子鉴定技术,对辽宁省采集的39份杨树叶锈病样本进行了系统分析,明确其物种组成与分布特征。结果显示:36份样本为松杨栅锈菌,1份为山杨栅锈菌,2份为北美栅锈菌。其中,北美栅锈菌首次在辽宁省被发现,标志它在东北地区的首次记录。北美栅锈菌的发现为杨树叶锈病的防控及生物安全检疫提供了新线索,为进一步研究其传播机制及寄主范围奠定了基础。未来需明确北美栅锈菌在中国的转主寄主及传播途径,并加强东北地区的病害监测,为杨树资源的可持续发展提供保障。

5 参考文献

- [1] 李娟,陈思思,谢剑波. 杨树响应胶孢炭疽菌侵染的转录组学研究[J]. 北京林业大学学报, 2024, 46(4): 91–102.
LI Xian, CHEN Sisi, XIE Jianbo. Transcriptome analysis of poplar leaves infected with *Colletotrichum gloeosporioides* [J]. *Journal of Beijing Forestry University*, 2024, 46(4): 91–102.
- [2] JIA Zhicheng, DUAN Qifeng, WANG Yue, *et al.* Detection model and spectral disease indices for poplar (*Populus* L.) anthracnose based on hyperspectral reflectance[J/OL]. *Forests*, 2024, 15(8): 1309[2025-01-04]. DOI: 10.3390/f15081309.
- [3] SHARAN S, CHAKRABORTY A, ROY A, *et al.* Transgenic poplar for resistance against pest and pathogen attack in forests: an overview[J/OL]. *Frontiers in Forests and Global Change*, 2024, 7: 1490562[2025-01-04]. DOI: 10.3389/ffgc.2024.1490562.
- [4] WEI Suyun, WU Huaitong, LI Xiaoping, *et al.* Identification of genes underlying the resistance to *Melampsora larici-populina* in an *R* gene supercluster of the *Populus deltoides* genome [J]. *Plant Disease*, 2020, 104(4): 1133–1143.
- [5] WANG Bin, XIONG Chaowei, PENG Zijia, *et al.* Genome-wide analysis of R2R3-MYB transcription factors in poplar and functional validation of PagMYB147 in defense against *Melampsora magnusiana*[J/OL]. *Planta*, 2024, 260(2): 47[2025-01-04]. DOI: 10.1007/s00425-024-04458-3.
- [6] VIALLE A, FREY P, HAMBLETON S, *et al.* Poplar rust systematics and refinement of *Melampsora* species delineation [J]. *Fungal Diversity*, 2011, 50(1): 227–248.
- [7] 姜宁,梁英梅,田呈明. 中国杨树上的栅锈菌[J]. 西北林学院学报, 2021, 36(2): 149–157.

- JIANG Ning, LIANG Yingmei, TIAN Chengming. Eight *Melampsora* species infected in poplars in China [J]. *Journal of Northwest Forestry University*, 2021, **36**(2): 149–157.
- [8] 葛广需, 景耀, 谌漠美, 等. 毛白杨锈病发生发展规律及其病原菌形态的观察[J]. 林业科学, 1964, **9**(3): 21–32.
- GE Guangpei, JING Yao, ZHEN Momei, *et al.* Observations on the development and morphology of *Melampsora rostrupii* wanger on *Populus tomentosa* L. [J]. *Scientia Silvae Sinicae*, 1964, **9**(3): 21–32.
- [9] 袁毅. 我国杨树叶锈病菌种类的研究[J]. 北京林学院学报, 1984, **6**(1): 48–82.
- YUAN Yi. On identification of some species of *Melampsora* infecting poplar trees in China and a test of host range of *M. pruinosa* [J]. *Journal of Beijing Forestry College*, 1984, **6**(1): 48–82.
- [10] 尚衍重, 郝俊贞, 袁秀英. 内蒙古的杨树栅锈菌[J]. 华北农学报, 1990, **5**(2): 86–92.
- SHANG Yanzhong, HAO Junzhen, YUAN Xiuying. *Melampsora* on poplars in Inner Mongolia [J]. *Acta Agriculturae Boreali-Sinica*, 1990, **5**(2): 86–92.
- [11] ZHANG Ning. Fungal flora of the daba mountains: uredinales [J]. *Mycotaxon*, 1997, **61**: 49–79.
- [12] TIAN Chengming, SHANG Yanzhong, ZHUANG Jianyun, *et al.* Morphological and molecular phylogenetic analysis of *Melampsora* species on poplars in China [J]. *Mycoscience*, 2004, **45**: 56–66.
- [13] LIANG Yingmei, KAKISHIMA M, TIAN Chengming. A new species of *Melampsora* on *Populus yunnanensis* from China [J]. *Mycoscience*, 2006, **47**(4): 198–204.
- [14] ZHENG Wei, NEWCOMBE G, HU Die, *et al.* The first record of a North American poplar leaf rust fungus, *Melampsora medusae*, in China[J/OL]. *Forests*, 2019, **10**(2): 182[2025-01-04]. DOI: [10.3390/f10020182](https://doi.org/10.3390/f10020182).
- [15] de THUEMEN F. New species of North American uredineae[J/OL]. *Bulletin of the Torrey Botanical Club*, 1878, **6**: 215[2025-01-04]. DOI: [10.2307/2476460](https://doi.org/10.2307/2476460).
- [16] BOURASSA M, BERNIER L, HAMELIN R C. Genetic diversity in poplar leaf rust (*Melampsora Medusae* F. sp. Deltoidae) in the zones of host sympatry and allopatry [J]. *Phytopathology*, 2007, **97**(5): 603–610.
- [17] BOUTIGNY A L, GUINET C, VIALLE A, *et al.* Optimization of a real-time PCR assay for the detection of the quarantine pathogen *Melampsora medusae* f. sp. Deltoidae [J]. *Fungal Biology*, 2013, **117**(6): 389–398.
- [18] 蓝燕, 农花萍, 彭子嘉, 等. 北美栅锈菌和松杨栅锈菌可视化检测体系建立[J]. 林业科学研究, 2023, **36**(5): 140–148.
- LAN Yan, NONG Huaping, PENG Zijia, *et al.* Establishment of a visual detection system for *Melampsora medusae* and *Melampsora larici-populina* [J]. *Forest Research*, 2023, **36**(5): 140–148.
- [19] 陈存, 丁昌俊, 张静, 等. 美洲黑杨群体结构分析及核心种质库构建[J]. 林业科学, 2020, **56**(9): 67–76.
- CHEN Cun, DING Changjun, ZHANG Jing, *et al.* Population structure analysis and core collection construction of *Populus deltoides* [J]. *Scientia Silvae Sinicae*, 2020, **56**(9): 67–76.
- [20] FEAU N, VIALLE A, ALLAIRE M, *et al.* Fungal pathogen (mis-) identifications: a case study with DNA barcodes on *Melampsora* rusts of aspen and white poplar [J]. *Mycological Research*, 2009, **113**(6/7): 713–724.
- [21] 胥卓尔, 廖伊倩, 吕友红, 等. 河北邯郸和北京杨树的叶锈病菌及检疫性物种 *Melampsora medusae* 的监测[J]. 菌物学报, 2024, **43**(9): 39–47.
- XU Zhuoer, LIAO Yiqian, LÜ Youhong, *et al.* Poplar leaf rust fungi from Hebei's Handan and Beijing and detection of quarantine species *Melampsora medusae* [J]. *Mycosystema*, 2024, **43**(9): 39–47.
- [22] 纪景欣. 吉林省锈菌区系调查与 6 种锈菌生活史的研究[D]. 长春: 吉林农业大学, 2017.
- JI Jingxin. *Investigation of Rust Fungi in Jilin Province and Life Cycles of 6 Species*[D]. Changchun: Jilin Agricultural University, 2017.
- [23] ZHAO Peng, TIAN Chengming, YAO Yijian, *et al.* *Melampsora salicis-sinicae* (Melampsoraceae, Pucciniales), a new rust fungus found on willows in China[J]. *Mycoscience*, 2014, **55**(5): 390–399.
- [24] 游崇娟. 中国鞘锈菌的分类学和分子系统发育研究[D]. 北京: 北京林业大学, 2012.
- YOU Chongjuan. *Taxonomic and Phylogenetic Study of a Rust Genus Coleosporium in China*[D]. Beijing: Beijing Forestry University, 2012.
- [25] JI Jingxin, LI Zhuang, LI Yu, *et al.* Life cycle and taxonomy of *Chrysomyxa succinea* in China and phylogenetic positions of *Caeoma* species on *Rhododendron*[J/OL]. *Forest Pathology*, 2020, **50**(2): e12585[2025-01-04]. DOI: [10.1111/efp.12585](https://doi.org/10.1111/efp.12585).
- [26] VIALLE A, FEAU N, FREY P, *et al.* Phylogenetic species recognition reveals host-specific lineages among poplar rust

- fungi [J]. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 2013, **66**(3): 628–644.
- [27] JI Jingxin, LI Zhuang, LI Yu, *et al.* Life cycle and taxonomy of *Melampsora abietis-populi* in China and its phylogenetic position in *Melampsora* on *Populus* [J]. *Mycological Progress*, 2020, **19**(11): 1281–1291.
- [28] BARRÈS B, DUTECH C, ANDRIEUX A, *et al.* Isolation and characterization of 15 microsatellite loci in the poplar rust fungus, *Melampsora larici-populina*, and cross-amplification in related species [J]. *Molecular Ecology Notes*, 2006, **6**(1): 60–64.
- [29] TYAGI K, KUMAR P, PANDEY A, *et al.* First record of *Cladosporium oxysporum* as a potential novel fungal hyperparasite of *Melampsora medusae* f. sp. *deltoidae* and screening of *Populus deltoides* clones against leaf rust[J/OL]. *3 Biotech*, 2023, **13**(6): 213[2025-01-04]. DOI: [10.1007/s13205-023-03623-x](https://doi.org/10.1007/s13205-023-03623-x).
- [30] ZENG Yi, SONG Haifeng, XIA Linchao, *et al.* The responses of poplars to fungal pathogens: a review of the defensive pathway[J/OL]. *Frontiers in Plant Science*, 2023, **14**: 1107583[2025-01-04]. DOI: [10.3389/fpls.2023.1107583](https://doi.org/10.3389/fpls.2023.1107583).
- [31] 徐梅卿. 我国青杨叶锈病的研究概况和防治策略[J]. *温带林业研究*, 2020, **3**(3): 1–5, 20.
XU Meiqing. The research overview and control strategies of *Melampsora larici-populina* in China [J]. *Journal of Temperate Forestry Research*, 2020, **3**(3): 1–5, 20.
- [32] 戴玉成. 用数量分类法讨论杨树栅锈菌的进化[J]. *林业科学研究*, 1992, **5**(1): 78–81.
DAI Yucheng. A discussion on evolution of poplar rusts (*Melampsora* spp.) by numerical taxonomic method [J]. *Forest Research*, 1992, **5**(1): 78–81.
- [33] 王璇, 马良进, 吕全, 等. 山核桃干腐病原菌的鉴定[J]. *浙江农林大学学报*, 2014, **31**(2): 238–245.
WANG Xuan, MA Liangjin, LÜ Quan, *et al.* Identification of the pathogens causing stem canker on *Carya cathayensis* [J]. *Journal of Zhejiang A&F University*, 2014, **31**(2): 238–245.
- [34] XIE Yunye, JI Jingxin, LI Zhuang, *et al.* Identification of a rust fungus on *Populus alba* collected in Jilin, China and its spermogonial and aecial stages [J]. *Acta Phytopathologica Sinica*, 2016, **46**(2): 280–284.
- [35] 刘铁志. 内蒙古锈菌志[M]. 北京: 科学出版社, 2020.
LIU Tiezhi. *The Rust Fungi of Inner Mongolia*[M]. Beijing: Science Press, 2020.
- [36] 周妍, 戴美丽, 戴晓港, 等. 中国南方美洲黑杨叶锈病病原菌分离及初步鉴定[J]. *分子植物育种*, 2020, **18**(24): 8240–8246.
ZHOU Yan, DAI Meili, DAI Xiaogang, *et al.* Isolation and primary identification of pathogen of leaf rust on black cottonwood (*Populus deltoides*) in the south of China [J]. *Molecular Plant Breeding*, 2020, **18**(24): 8240–8246.
- [37] 全国植物检疫标准化技术委员会. 杨树叶锈病菌检疫鉴定方法: GB/T 33124—2016[S]. 北京: 中国标准出版社, 2016.
National Technical Committee on Plant Quarantine of Standardization Administration of China. *Detection and Identification of Melampsora medusae Thümen: GB/T 33124—2016*[S]. Beijing: Standards Press of China, 2016.
- [38] BOUTIGNY A L, GUINET C, VIALLE A, *et al.* A sensitive real-time PCR assay for the detection of the two *Melampsora medusae* formae speciales on infected poplar leaves [J]. *European Journal of Plant Pathology*, 2013, **136**(3): 433–441.