

引文格式: 李梅方, 唐国文, 刘正杰, 等. 苦荞白粉病病原鉴定及其系谱分析[J]. 云南农业大学学报(自然科学), 2024, 39(1): 64–73. DOI: [10.12101/j.issn.1004-390X\(n\).202202034](https://doi.org/10.12101/j.issn.1004-390X(n).202202034)

苦荞白粉病病原鉴定及其系谱分析*

李梅方¹, 唐国文¹, 刘正杰², 王 一¹, 李成云¹, 董玉梅^{2**}

(1. 云南农业大学, 云南省生物资源保护与利用国家重点实验室, 云南 昆明 650201;

2. 云南农业大学 农学与生物技术学院, 云南 昆明 650201)

摘要: 【目的】鉴定和分析苦荞白粉病病原菌, 并确定其在白粉菌系谱中的位置。【方法】通过孢子形态观察、致病性测定及核糖体基因内转录间隔区(internal transcribed spacer, ITS)和核糖体大亚基(ribosomal large subunit, LSU)序列系统发育树分析对苦荞白粉病病原菌进行鉴定, 并进行多序列比对和聚类分析。【结果】苦荞白粉病病原菌鉴定为蓼白粉菌(*Erysiphe polygoni*); 经 ITS 多序列比对和聚类分析发现该白粉菌(607 bp, MW494930.1)与甜荞上的白粉菌(*E. polygoni*, KP076437.1)相似性为 100.00%, 与大黄、酸模、蓼、竹节蓼、珊瑚藤等蓼科植物上的 16 个菌株 ITS 扩增片段相似性均高于 98.83%; 基于 LSU 序列扩增获得 1 条长度为 910 bp 的片段(OK490143), 与酸模上的白粉菌(*E. polygoni*, MT361769.1)序列相似性为 99.89%。【结论】本研究将侵染苦荞的白粉菌鉴定为子囊菌门(Ascomycota)白粉菌目(Erysiphales)白粉菌属(*Erysiphe*)蓼白粉菌(*E. polygoni*)。研究结果可为苦荞白粉病的防治提供依据。

关键词: 苦荞白粉菌; 病原鉴定; 系谱分析

中图分类号: S435.17

文献标志码: A

文章编号: 1004-390X(2024)01-0064-10

Identification of Pathogen Causing Powdery Mildew of Tartary Buckwheat and Analysis of Its Pedigree

LI Meifang¹, TANG Guowen¹, LIU Zhengjie², WANG Yi¹, LI Chengyun¹, DONG Yumei²

(1. State Key Laboratory for Conservation and Utilization of Bio-Resources in Yunnan, Yunnan Agricultural

University, Kunming 650201, China; 2. College of Agronomy and Biotechnology,

Yunnan Agricultural University, Kunming 650201, China)

Abstract: [Purpose] To identify and analyze the pathogen of tartary buckwheat powdery mildew and determine its position in the powdery mildew pedigree. [Methods] The tartary buckwheat powdery mildew pathogen was identified based on spore morphology observation, pathogenicity test and phylogenetic tree analysis of internal transcribed spacer (ITS) and ribosomal large subunit (LSU) sequence, and multiple sequence alignment and cluster analysis of sequences were carried out.

[Results] The pathogen of powdery mildew of tartary buckwheat was identified as *Erysiphe polygoni*. Through ITS multiple sequence alignment and cluster analysis, it was found that the powdery mildew (607 bp fragment, MW494930.1) was 100.00% similar to *E. polygoni* (KP076437.1) on common buckwheat. The similarity of that ITS amplification sequences with 16 strains collected from rhu-

收稿日期: 2022-02-22

修回日期: 2024-02-25

网络首发日期: 2024-03-20

*基金项目: 国家重点研发项目(2023YFD1400800)。

作者简介: 李梅方(1995—), 女, 云南腾冲人, 在读硕士研究生, 主要从事荞麦资源收集及病害研究。

E-mail: 2102014139@qq.com

**通信作者 Corresponding author: 董玉梅(1975—), 女, 云南石林人, 博士, 副教授, 主要从事荞麦资源收集及评价利用。E-mail: dymdy2006@126.com

网络首发地址: <https://link.cnki.net/urlid/53.1044.S.20240319.1727.001>



barb, sorrel, polygonum, ribbonbush and coral vines were also higher than 98.83%. A 910 bp fragment (OK490143) was obtained based on LSU sequence amplification, which showed 99.89% similarity with the strain of the *E. polygoni* (MT361769.1) on sorrel. [**Conclusion**] The tartary buckwheat powdery mildew is identified as *E. polygoni*, which belonged to *Erysiphe*, Erysiphales, Ascomycota. It provides a basis for the control of tartary buckwheat.

Keywords: powdery mildew of tartary buckwheat; pathogen identification; pedigree analysis

白粉菌是子囊菌门 (Ascomycota) 盘菌亚门 (Pezizomycotina) 锤舌菌纲 (Leotiomycetes) 白粉菌目 (Erysiphales) 真菌的统称, 是一类分布广泛的专性寄生植物病原菌^[1-2]。常引起重要的植物病害, 在全球范围内感染超过 10 000 种双子叶和单子叶植物, 涉及约 900 种具有重要经济价值的农作物^[3-5]。白粉菌严格地专性寄生于活体植物, 在寄主植物上完成生长和繁殖, 目前仍不能通过人工培养, 其寄主范围的变化直接导致生态位分离, 从而可能触发诱发白粉菌的新物种形成^[6]。

苦荞 (*Fagopyrum tataricum*) 为蓼科 (Polygonaceae) 荞麦属 (*Fagopyrum*) 一年生或多年生双子叶植物^[7], 截至目前已有 22 个种^[8-9]。苦荞为荞麦栽培种之一, 在中国主产于西北、东北、华北和西南一带高寒山区^[10]。据《中国农村统计年鉴》统计, 2017 年全国苦荞年产量达到 5.39×10^5 t, 种植面积和产量均居世界第 1 位, 是重要的粮食作物^[11]。自 2018 年以来, 在云南农业大学荞麦实验种植区和云南荞麦种植区一直观察到白粉病, 严重时基本绝收。本研究通过形态鉴定以及核糖体基因内转录间隔区 (internal transcribed spacer, ITS) 和核糖体大亚基 (ribosomal large subunit, LSU) 序列分析, 明确苦荞白粉病的病原类型及分类地位, 为防治苦荞白粉病提供依据, 也为大田作物布局时避开白粉菌跨寄主的近距离接触提供参考。

1 材料与方法

1.1 材料收集与保存

从云南农业大学试验地采集苦荞白粉病病叶, 将病叶装入自封袋置于冰盒中带回实验室, 用于形态观察及分子生物学试验。

1.2 试验方法

1.2.1 田间症状调查

观察记录植株发病部位、病斑颜色和大小、危害程度等^[12-13]。

1.2.2 病原菌形态观察及致病性检测

参考 BRAUN 等^[3]、KIRK 等^[14]以及《中国真菌志》^[15]对白粉菌无性型进行形态学分类。在数码显微镜 Smart zoom 5 (广州行真科技设备) 下观察病叶的白粉菌分生孢子形态特征, 测量大小并拍照; 用扫描电子显微镜 FlexSEM 1000 (日立高新技术设备) 观察分生孢子形态、着生方式及表面形态特征。

按照科赫法则测定白粉菌的致病性并进行确认^[16]。将苦荞感染叶片打成直径 6 mm 的叶盘, 置于 5 周龄健康苦荞叶片正面和背面, 叶盘上含有大量孢子, 各接种 5 株植物; 将接种植株置于 20~25 °C、相对湿度 80%、光照周期 12 h : 12 h 的温室培养, 将 5 株未接种的对照植株种植于相同环境条件的另一个生长室中, 用聚乙烯袋罩住处理和对照植株 48 h, 观察发病症状和病原菌形态。

1.2.3 病原菌 ITS、LSU 片段的 PCR 扩增和测序

将病菌样本带回实验室, 用 Chelex-100 法提取白粉菌 DNA^[17], 利用真菌通用引物 ITS 和 LSU 进行 PCR 扩增 (ITS1: 5'-TCCGTAGGTGAACCT-GCGG-3'; ITS4: 5'-TCCTCCGCTTATTGATATGC-3'^[18]; LROR: 5'-ACCCGCTGAACTTAAGC-3'; LR5: 5'-TCCTGAGGGAACTTCG-3'^[19])。PCR 反应体系为 25.0 μL, 包括 2×Phanta Max Buffer 12.5 μL, 10 mmol/L dNTP Mix 0.5 μL, 10 μmol/L 上、下游引物各 1.0 μL, Phanta Max Super-Fidelity DNA Polymerase 0.5 μL, ddH₂O 补足体系。PCR 扩增程序为: 95 °C 3 min; 95 °C 15 s, 56 °C 15 s, 72 °C 30 s, 循环 32 次; 72 °C 5 min。PCR 产物经琼脂糖凝胶电泳检测, 并回收备用。参照 pTOPO-Blunt Simple 平末端载体试剂盒说明书与 TreliefTM5α 感受态细胞连接转化, 菌液用 PCR 确定阳性克隆后送至擎科生物有限公司测序。

1.2.4 数据分析

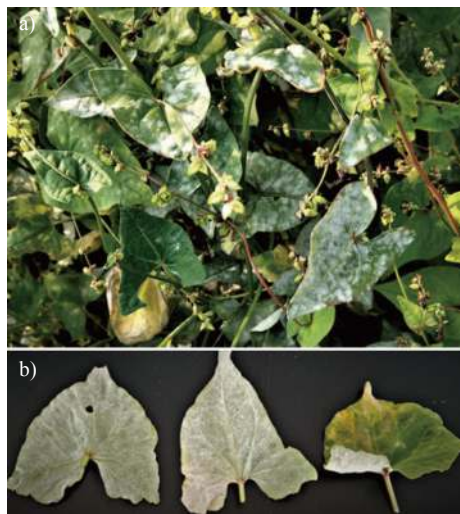
在 GenBank 上对测序序列进行 BLAST 序列

比对; 为比较不同寄主白粉菌的系统发育关系, 从 GenBank 中下载相似性高于 97% 的 ITS 片段, 采用 MEGA 7.0 软件对序列进行最大似然法系统发育分析, 进行 1000 次重复的 BS 分析, 构建进化树^[20]。

2 结果与分析

2.1 苦荞白粉病田间症状

苦荞白粉病发病早期, 主要在病叶背面出现不规则的白色粉尘状菌落, 叶面出现褪绿小点; 随着病情发展, 菌落变得丰富, 覆盖整个叶片背面, 并且在叶正面也形成白色菌斑, 继而叶片正面失绿黄化, 严重时危害花和果实。感病叶片轻者褪绿、黄化、卷曲、皱缩, 严重时叶片畸形、质地变硬、失去光泽、干枯 (图 1)。



注: a) 苦荞白粉病症状; b) 苦荞白粉病叶片。

Note: a) symptoms of powdery mildew of tartary buckwheat; b) powdery mildew leaves of tartary buckwheat.

图 1 苦荞白粉病症状

Fig. 1 Powdery mildew symptoms in tartary buckwheat

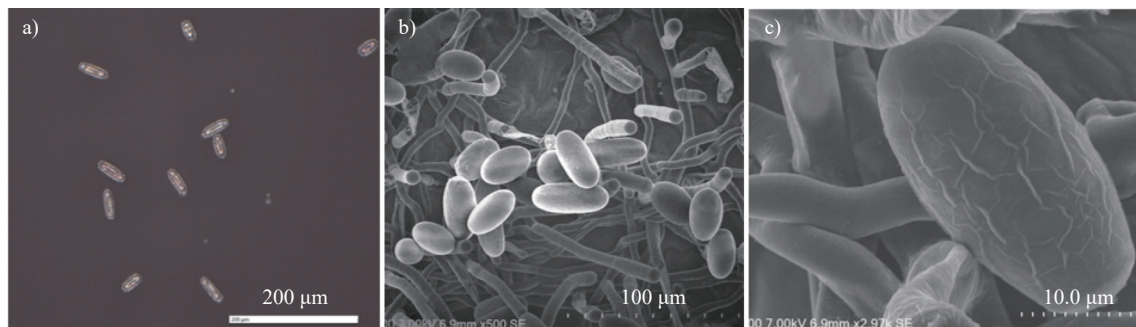


图 2 显微镜 (a) 和电镜 (b 和 c) 下的苦荞白粉菌分生孢子

Fig. 2 Conidia of powdery mildew collected from tartary buckwheat under microscope (a) and electron microscope (b and c)

2.2 苦荞白粉菌的形态特征及致病性

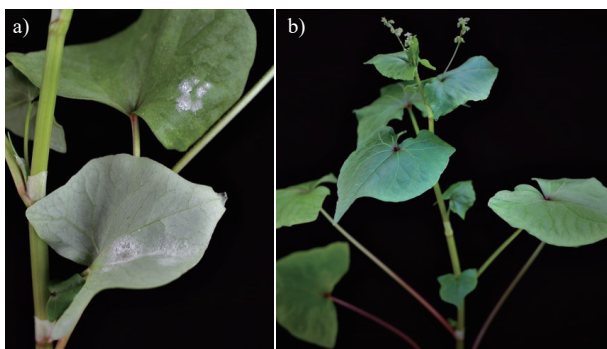
苦荞白粉菌分生孢子呈圆筒形或椭圆形, 无色, 透明, 两端圆, 单胞, 表面有皱纹; 长 $28.0 \sim 50.9 \mu\text{m}$, 宽 $11.3 \sim 19.9 \mu\text{m}$, 平均大小为 $39.1 \mu\text{m} \times 15.3 \mu\text{m}$ ($n=100$) (图 2)。根据形态特征初步将病原菌鉴定为子囊菌门 (Ascomycota) 白粉菌目 (Erysiphales) 白粉菌属 (*Erysiphe*) 真菌^[16]。

苦荞健康叶片接种病原 7 d 后, 在接种植株上观察到与田间感病植株一致的症状, 而对照植株则无发病症状 (图 3)。接种发病叶片病原菌再经显微观察表明: 其菌落形态及分生孢子形态特征与采集的苦荞白粉病病原一致, 表明接种的病原菌为苦荞白粉病的致病菌。

2.3 基于 ITS 和 LSU 片段的苦荞白粉病菌系统进化分析

2.3.1 苦荞白粉病菌的分子鉴定

苦荞白粉病病原菌 ITS 片段为 607 bp (MW-494930.1), LSU 片段为 910 bp (OK490143), 将序列在 GenBank 中进行比对, ITS 结果显示该序列与甜荞上的白粉菌 (*E. polygoni*, KP076437.1) 核酸序列的相似度为 100.00%; LSU 结果显示该序列与酸模上的白粉菌 (*E. polygoni*, MT36176-9.1) 核酸序列的相似度 99.89%。从 GenBank 获得 76 条序列相似性高于 97% 的 ITS 片段, 以 *E. glycines* 序列 (LC028953.1) 为外群, 经多序列比对后获得 550 bp 的矩阵, 构建的系统发育树 (图 4) 显示: 病原菌的 ITS 序列与 *E. polygoni* 聚为一支。从 GenBank 检索相似性高于 97% 的 LSU 序列, 共获得 57 条注册为白粉菌的序列, 以 *E. glycines* 序列 (AB015927.1) 为外群, 经过对位排列后获得 792 bp 的矩阵, 构建的系统发育树 (图 5) 显示: 病原菌的 LSU 序列与 *E. polygoni* 聚为一支。



注: a) 苦荞接种病菌症状; b) 对照。

Note: a) symptom on inoculated leaves of tartary buckwheat; b) control.

图 3 苦荞白粉菌的致病性

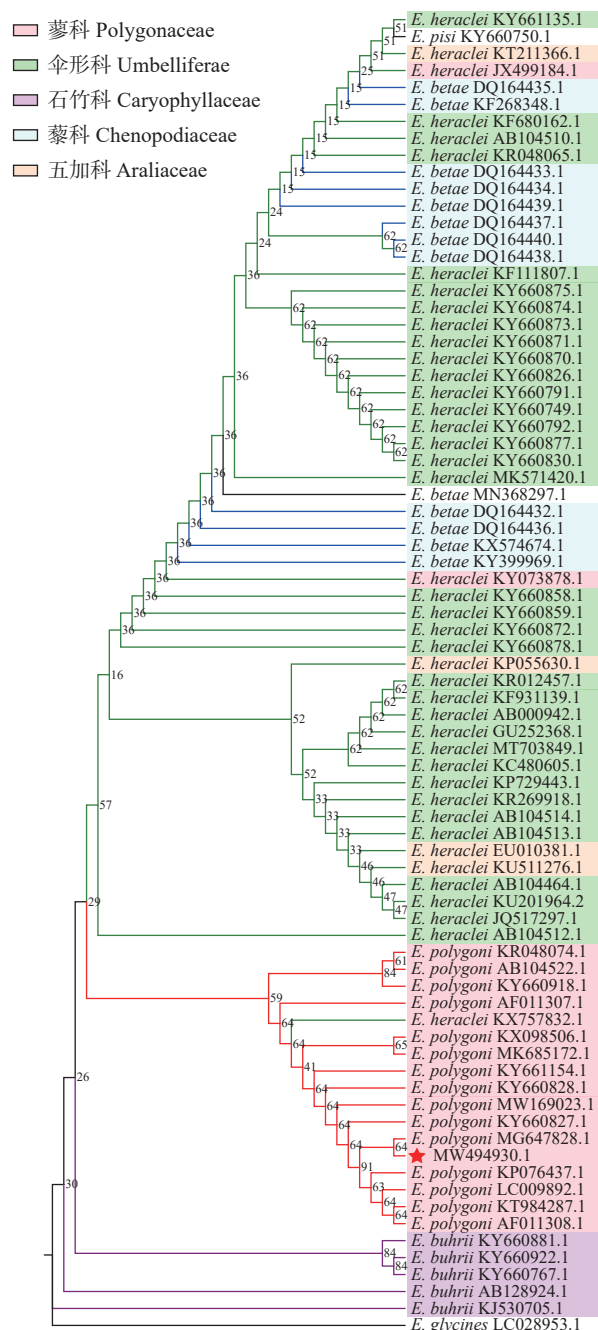
Fig. 3 Pathogenicity of tartary buckwheat powdery mildew

结合病原菌致病性测定、形态特征以及 ITS 和 LSU 序列比对, 将苦荞白粉病病原菌鉴定为蓼白粉菌 (*E. polygoni*)。

2.3.2 苦荞白粉病菌在白粉菌系谱中的位置

76 条序列包含 5 种已命名的白粉病病原菌, 寄主来源涵盖 7 科 26 属植物 (表 1), *E. polygoni*、*E. heraclei*、*E. buhrii* 和 *E. betae* 占主要部分。*E. polygoni* 寄主均为蓼科植物; *E. heraclei* 序列占比最多, 寄主植物包括伞形科、五加科和蓼科的 16 属植物, 其中伞形科植物占 83%; *E. buhrii* 寄主为石竹科; *E. betae* 寄主为藜科和苋科植物, 且与 *E. heraclei* 在系谱发育树上交替分布。相似性高于 99% 的序列中包含 *E. polygoni* 和 *E. heraclei* 2 个种; 当相似性大于 98% 时, 新增加 *E. buhrii* 和 *E. betae* 2 个种; 当相似性大于 97% 时, 又新增加 *E. pisi* 1 个种。基于 ITS 基因片段构建的系统发育树 (图 4) 显示: 在第 4 个节点处将序列分为 2 个大分支, 本研究病原菌与来自蓼科的 *E. polygoni* (KP076437.1) 相似性为 100.00%, 与 13 个 *E. polygoni* 和 1 个 *E. heraclei* 的相似性都大于 99%。该分支的寄主均为蓼科, 且强烈聚为 1 个分支。该分支又分为 2 个小分支, 1 个小分支寄主为荞麦属、大黄属和酸模属, 其中酸模属居多; 另 1 个小分支寄主为蓼属、竹节蓼属和珊瑚藤属, 其中竹节蓼属和珊瑚藤属各有 1 种, 其余为蓼属植物。

57 条 LSU 序列包含 21 种白粉病病原菌, 寄主来源涵盖 22 科 29 属植物 (表 2)。其中也检索到 *E. polygoni* 和 *E. heraclei* 2 个种的 LSU 序列, *E. polygoni* 的寄主为蓼科植物, *E. heraclei* 的寄主为

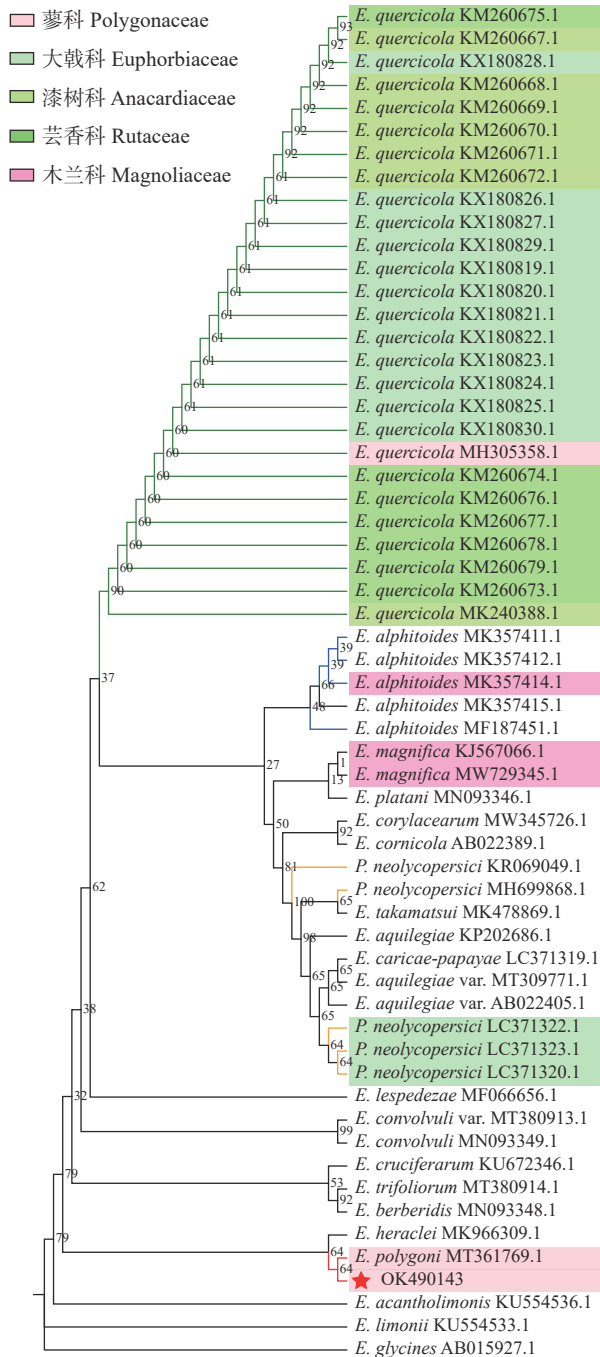


注: 以大豆白粉菌 *Erysiphe glycines* (LC028953.1) ITS 序列作为外群。分支上的数字表示来自 1 000 个复制的引导值, 不同白粉菌种名用不同树枝颜色表示, 不同颜色阴影代表白粉菌寄主在科水平上不同, 寄主出现 3 次以下不做任何标记, 苦荞白粉菌序列用红星标注; 下同。

Note: The ITS sequence of *Erysiphe glycines* (LC028953.1) served as out-group. Numbers above the branches denote bootstrap values from 1 000 replications, different powdery mildew genus names are represented by different branch colors, the shades of different colors represent the differences of the powdery mildew hosts at the family level, the host of pathogenic bacteria that appears less than three times will not be marked, tartary buckwheat powdery mildew ITS sequences are marked with red star; the same as below.

图 4 基于 77 条白粉菌序列 ITS 区域的系统发育树

Fig. 4 Phylogenetic tree based on the ITS regions of 77 powdery mildew sequences



注: *Erysiphe glycines* (AB015927.1) LSU 序列作为外群。

Note: The ITS sequence of *Erysiphe glycines* (AB015927.1) served as out-group.

图 5 基于 59 条白粉菌 LSU 区域的系统发育树

Fig. 5 Phylogenetic tree based on the LSU regions of 59 powdery mildew sequences

伞形科植物。苦芥白粉菌序列与 *E. polygami*、*E. heraclei* 在同 1 分支, 具有较好的支持率, 与 ITS 序列进化树相似。相似性高于 99% 的序列包括 *E. polygami* 和 *E. heraclei* 2 个种; 当相似性大于 98% 时, 增加 *E. trifoliorum*、*E. cruciferarum*、*E. ac-*

antholimonis、*E. quercicola*、*E. convolvuli* var.、*E. berberidis* 和 *E. magnifica* 7 个种; 当相似性大于 97% 时, 增加 *E. alphitoides*、*E. convolvuli*、*E. lespedezae*、*E. limonii*、*Pseudoidium neolycopersici*、*E. corylacearum*、*E. caricae-papayae*、*E. aquilegiae*、*E. takamatsui*、*E. platani*、*E. aquilegiae* var. 和 *E. cornicola* 12 个种。*E. quercicola* 序列占比达 47%, 寄主包括芸香科、大戟科、漆树科和蓼科。

3 讨论

白粉菌是最常见和最重要的专性寄生性植物病原真菌^[21], 有超过 400 种白粉菌能够侵染近 10000 种植物, 其中包括许多具有重要经济价值的农作物和观赏植物^[22-24]。本研究通过致病性测定、形态学及分子鉴定, 证实供试苦芥白粉病病原为 *E. polygami*, 该种于 1986 年在中国台湾被发现, 根据形态学和寄主植物将其鉴定到种^[25]。

白粉菌具有专性活体营养性质, 其中既有寄主专化性很高的种, 也有寄主范围较广的种。由于迄今尚不能人工培养, 仅有部分白粉菌进行过分子系统发育的相关分析^[26]。根据分子鉴定结果, ITS 进化树的 *E. polygami* 分支中有 *E. heraclei* (KX-757832.1), 与 *E. polygami* 的寄主同为蓼科植物, *E. buhrii* 的寄主为石竹科植物, 而伞形科和蓼科均属于石竹亚纲。在 GenBank 中检索到 *E. polygami* 的相关序列 45 条, 寄主分别是蓼科、藜科和豆科植物, 涵盖 10 属, 其中, 蓼科酸模属和蓼属最多, 豆科豇豆属和藜科甜菜属次之。有报道: 东南亚、印度和澳大利亚地区 *E. polygami* 侵染绿豆 [*Vigna radiata* (Linn.) Wilczek] 引起绿豆白粉病^[27], 美国西部地区 *E. polygami* 侵染甜菜 (*Beta vulgaris* L.) 引起白粉病^[28], 可见, *E. polygami* 不仅只侵染蓼科植物, 但其优势寄主为蓼科植物。LSU 序列进化树中, 苦芥白粉菌序列与 *E. polygami* (MT361769.1)、*E. heraclei* (MK966309.1) 序列的亲缘关系最近, 但 *E. heraclei* 寄主为伞形科植物, 可见, 白粉菌寄主专性范围可跨越 2 个科以上的植物。随着分子生物学的发展, 对白粉菌的研究更加深入, 越来越多的研究表明白粉菌的寄主跨越事件, 如 BEENKEN^[29]报道臭椿 (*Ailanthus altissima*) 上的 *E. platani* 和 *E. alphitoides*, 宿主跳跃、跨越了不同科甚至不同目的植物, 分别从悬铃木科 (Proteales) 和壳斗科 (Fagales) 扩展

表 1 GenBank 中检索到的相似性高于 97% 的白粉菌 ITS 序列及其寄主信息
Tab. 1 Host information and ITS sequence similarity ($\geq 97\%$) retrieved from GenBank

种名与基因登录号 species and GenBank accession No.	片段长度/bp fragment length	相似性/% similarity	寄主 host		国家 country
			属 genus	科 family	
<i>E. polygoni</i> KP076437.1	621	100.00	荞麦属 <i>Fagopyrum</i>	蓼科 Polygonaceae	中国 China
<i>E. polygoni</i> KT984287.1	586	99.83	大黄属 <i>Rheum</i>	蓼科 Polygonaceae	中国 China
<i>E. polygoni</i> MG647828.1	573	99.82	酸模属 <i>Rumex</i>	蓼科 Polygonaceae	中国 China
<i>E. polygoni</i> LC009892.1	558	99.82	酸模属 <i>Rumex</i>	蓼科 Polygonaceae	日本 Japan
<i>E. polygoni</i> AF011308.1	671	99.51	酸模属 <i>Rumex</i>	蓼科 Polygonaceae	不详 unknown
<i>E. polygoni</i> KY660918.1	732	99.34	蓼属 <i>Persicaria</i>	蓼科 Polygonaceae	英国 UK
<i>E. polygoni</i> KY660827.1	684	99.34	蓼属 <i>Persicaria</i>	蓼科 Polygonaceae	英国 UK
<i>E. polygoni</i> MW169023.1	646	99.34	蓼属 <i>Persicaria</i>	蓼科 Polygonaceae	中国 China
<i>E. polygoni</i> KY660828.1	663	99.34	蓼属 <i>Persicaria</i>	蓼科 Polygonaceae	英国 UK
<i>E. polygoni</i> KY661154.1	736	99.34	蓼属 <i>Persicaria</i>	蓼科 Polygonaceae	英国 UK
<i>E. polygoni</i> KX098506.1	722	99.18	竹节蓼属 <i>Homalocladium</i>	蓼科 Polygonaceae	朝鲜 Korea
<i>E. heraclei</i> KX757832.1	684	99.18	蓼属 <i>Persicaria</i>	蓼科 Polygonaceae	中国 China
<i>E. polygoni</i> MK685172.1	662	99.01	珊瑚藤属 <i>Antigonon</i>	蓼科 Polygonaceae	中国 China
<i>E. polygoni</i> AF011307.1	639	99.01	蓼属 <i>Persicaria</i>	蓼科 Polygonaceae	不详 unknown
<i>E. polygoni</i> KR048074.1	616	98.83	蓼属 <i>Persicaria</i>	蓼科 Polygonaceae	中国 China
<i>E. polygoni</i> AB104522.1	662	98.83	蓼属 <i>Persicaria</i>	蓼科 Polygonaceae	伊朗 Iran
<i>E. buhrrii</i> AB128924.1	590	98.47	刺叶属 <i>Acanthopyllum</i>	石竹科 Caryophyllaceae	伊朗 Iran
<i>E. buhrrii</i> KY660922.1	735	98.35	蝇子草属 <i>Silene</i>	石竹科 Caryophyllaceae	英国 UK
<i>E. buhrrii</i> KY660881.1	734	98.35	蝇子草属 <i>Silene</i>	石竹科 Caryophyllaceae	英国 UK
<i>E. buhrrii</i> KY660767.1	685	98.35	蝇子草属 <i>Silene</i>	石竹科 Caryophyllaceae	英国 UK
<i>E. heraclei</i> KU201964.2	672	98.19	茴香属 <i>Foeniculum</i>	伞形科 Umbelliferae	中国 China
<i>E. heraclei</i> KY661135.1	738	98.19	峨参属 <i>Anthriscus</i>	伞形科 Umbelliferae	英国 UK
<i>E. heraclei</i> KY660878.1	736	98.19	峨参属 <i>Anthriscus</i>	伞形科 Umbelliferae	英国 UK
<i>E. heraclei</i> KY660872.1	735	98.19	峨参属 <i>Anthriscus</i>	伞形科 Umbelliferae	英国 UK
<i>E. heraclei</i> KY660859.1	704	98.19	独活属 <i>Heracleum</i>	伞形科 Umbelliferae	英国 UK
<i>E. heraclei</i> KY660858.1	681	98.19	独活属 <i>Heracleum</i>	伞形科 Umbelliferae	英国 UK
<i>E. heraclei</i> KY073878.1	686	98.19	酸模属 <i>Rumex</i>	蓼科 Polygonaceae	中国 China
<i>E. heraclei</i> KP055630.1	646	98.19	常春藤属 <i>Hedera</i>	五加科 Araliaceae	中国 China
<i>E. betae</i> DQ164436.1	640	98.19	甜菜属 <i>Beta</i>	藜科 Chenopodiaceae	美国 USA
<i>E. betae</i> DQ164432.1	640	98.19	甜菜属 <i>Beta</i>	藜科 Chenopodiaceae	英国 UK
<i>E. betae</i> KY399969.1	645	98.19	甜菜属 <i>Beta</i>	藜科 Chenopodiaceae	希腊 Greece
<i>E. betae</i> KX574674.1	791	98.19	甜菜属 <i>Beta</i>	藜科 Chenopodiaceae	朝鲜 Korea
<i>E. heraclei</i> AB104510.1	620	98.16	毒参属 <i>Conium</i>	伞形科 Umbelliferae	伊朗 Iran
<i>E. heraclei</i> KF680162.1	606	98.15	欧芹属 <i>Petroselinum</i>	伞形科 Umbelliferae	朝鲜 Korea
<i>E. heraclei</i> AB104514.1	590	98.14	窃衣属 <i>Torilis</i>	伞形科 Umbelliferae	伊朗 Iran
<i>E. betae</i> KF268348.1	650	98.12	甜菜属 <i>Beta</i>	藜科 Chenopodiaceae	中国 China
<i>E. betae</i> MN368297.1	782	98.03	腺毛藜属 <i>Dysphania</i>	苋科 Amaranthaceae	巴基斯坦 Pakistan
<i>E. betae</i> DQ164440.1	640	98.03	甜菜属 <i>Beta</i>	藜科 Chenopodiaceae	美国 USA
<i>E. betae</i> DQ164439.1	640	98.03	甜菜属 <i>Beta</i>	藜科 Chenopodiaceae	美国 USA
<i>E. betae</i> DQ164434.1	640	98.03	甜菜属 <i>Beta</i>	藜科 Chenopodiaceae	美国 USA
<i>E. betae</i> DQ164433.1	640	98.03	甜菜属 <i>Beta</i>	藜科 Chenopodiaceae	英国 UK
<i>E. heraclei</i> MK571420.1	651	98.03	独活属 <i>Heracleum</i>	伞形科 Umbelliferae	中国 China

表1 (续)

种名与基因登录号 species and GenBank accession No.	片段长度/bp fragment length	相似性/% similarity	寄主 host		国家 country
			属 genus	科 family	
<i>E. heraclei</i> KR012457.1	623	98.03	胡萝卜属 <i>Daucus</i>	伞形科 Umbelliferae	中国 China
<i>E. heraclei</i> KC480605.1	687	98.03	胡萝卜属 <i>Daucus</i>	伞形科 Umbelliferae	中国 China
<i>E. heraclei</i> MT703849.1	680	98.03	刺芹属 <i>Eryngium</i>	伞形科 Umbelliferae	中国 China
<i>E. heraclei</i> KY660877.1	738	98.03	独活属 <i>Heracleum</i>	伞形科 Umbelliferae	英国 UK
<i>E. heraclei</i> KY660875.1	738	98.03	独活属 <i>Heracleum</i>	伞形科 Umbelliferae	英国 UK
<i>E. heraclei</i> KY660874.1	735	98.03	独活属 <i>Heracleum</i>	伞形科 Umbelliferae	英国 UK
<i>E. heraclei</i> KY660873.1	736	98.03	独活属 <i>Heracleum</i>	伞形科 Umbelliferae	英国 UK
<i>E. heraclei</i> KY660871.1	733	98.03	独活属 <i>Heracleum</i>	伞形科 Umbelliferae	英国 UK
<i>E. heraclei</i> KY660870.1	696	98.03	独活属 <i>Heracleum</i>	伞形科 Umbelliferae	英国 UK
<i>E. heraclei</i> KY660826.1	678	98.03	独活属 <i>Heracleum</i>	伞形科 Umbelliferae	英国 UK
<i>E. heraclei</i> KY660791.1	680	98.03	独活属 <i>Heracleum</i>	伞形科 Umbelliferae	英国 UK
<i>E. heraclei</i> KY660749.1	741	98.03	独活属 <i>Heracleum</i>	伞形科 Umbelliferae	英国 UK
<i>E. heraclei</i> KP729443.1	700	98.03	茴香属 <i>Foeniculum</i>	伞形科 Umbelliferae	朝鲜 Korea
<i>E. heraclei</i> KF111807.1	676	98.03	峨参属 <i>Anthriscus</i>	伞形科 Umbelliferae	朝鲜 Korea
<i>E. heraclei</i> KR269918.1	732	98.03	阿米芹属 <i>Ammi</i>	伞形科 Umbelliferae	墨西哥 Mexico
<i>E. betae</i> DQ164437.1	640	98.02	甜菜属 <i>Beta</i>	藜科 Chenopodiaceae	美国 USA
<i>E. heraclei</i> KR048065.1	619	98.01	茴芹属 <i>Pimpinella</i>	伞形科 Umbelliferae	中国 China
<i>E. heraclei</i> GU252368.1	612	98.01	胡萝卜属 <i>Daucus</i>	伞形科 Umbelliferae	墨西哥 Mexico
<i>E. heraclei</i> AB104513.1	661	97.99	茴芹属 <i>Pimpinella</i>	伞形科 Umbelliferae	伊朗 Iran
<i>E. heraclei</i> AB104512.1	619	97.99	刺芹属 <i>Eryngium</i>	伞形科 Umbelliferae	伊朗 Iran
<i>E. heraclei</i> EU010381.1	613	97.97	常春藤属 <i>Hedera</i>	五加科 Araliaceae	意大利 Italy
<i>E. heraclei</i> KU511276.1	720	97.96	南洋参属 <i>Polyscias</i>	五加科 Araliaceae	伊朗 Iran
<i>E. heraclei</i> KY660792.1	689	97.87	独活属 <i>Heracleum</i>	伞形科 Umbelliferae	英国 UK
<i>E. betae</i> DQ164438.1	640	97.87	甜菜属 <i>Beta</i>	藜科 Chenopodiaceae	美国 USA
<i>E. betae</i> DQ164435.1	640	97.87	甜菜属 <i>Beta</i>	藜科 Chenopodiaceae	美国 USA
<i>E. heraclei</i> KY660830.1	667	97.86	独活属 <i>Heracleum</i>	伞形科 Umbelliferae	英国 UK
<i>E. buhrii</i> KJ530705.1	725	97.86	石头花属 <i>Gypsophila</i>	石竹科 Caryophyllaceae	朝鲜 Korea
<i>E. heraclei</i> AB000942.1	668	97.84	胡萝卜属 <i>Daucus</i>	伞形科 Umbelliferae	不详 unknown
<i>E. heraclei</i> JX499184.1	620	97.83	酸模属 <i>Rumex</i>	蓼科 Polygonaceae	朝鲜 Korea
<i>E. heraclei</i> AB104464.1	597	97.82	辐花芹属 <i>Bifora</i>	伞形科 Umbelliferae	伊朗 Iran
<i>E. heraclei</i> JQ517297.1	630	97.71	莳萝属 <i>Anethum</i>	伞形科 Umbelliferae	朝鲜 Korea
<i>E. heraclei</i> KT211366.1	660	97.66	常春藤属 <i>Hedera</i>	五加科 Araliaceae	墨西哥 Mexico
<i>E. heraclei</i> KF931139.1	620	97.51	欧芹属 <i>Petroselinum</i>	伞形科 Umbelliferae	美国 USA
<i>E. pisi</i> KY660750.1	704	97.03	豌豆属 <i>Pisum</i>	豆科 Leguminosae	英国 UK

到苦木科 (Sapindales)，由此可见，寄主植物在纲、目、科、属的分类阶元对白粉菌的系统进化和生理进化、物种形成起着十分重要的作用。根据寄主范围、交叉接种和多个分子标记的联合系谱分析才能为白粉菌种群划分、寄主范围确定及病害有效防控提供准确的理论依据。

4 结论

本研究通过病原菌致病性测定、形态特征以及 ITS 和 LSU 序列比对，确定引起苦荞白粉病的病原菌为蓼白粉菌 (*E. polygoni*)，该病原菌有多个科寄主植物，是典型的复合种，急需从寄主范

表 2 GenBank 中检索到的高相似性白粉菌 LSU 序列及其寄主信息

Tab. 2 Host information and highly similarity of LSU sequences retrieved from GenBank

种名与登录号 species and GenBank accession No.	片段长度/bp fragment length	相似性/% similarity	寄主 host		国家 country
			属 genus	科 family	
<i>E. polygona</i> MT361769.1	937	99.89	酸模属 <i>Rumex</i>	蓼科 Polygonaceae	朝鲜 Korea
<i>E. heraclei</i> MK966309.1	859	99.17	独活属 <i>Heracleum</i>	伞形科 Umbelliferae	中国 China
<i>E. trifoliorum</i> MT380914.1	984	98.88	车轴草属 <i>Trifolium</i>	豆科 Leguminosae	韩国 South Korea
<i>E. cruciferarum</i> KU672346.1	857	98.36	庭荠属 <i>Alyssum</i>	十字花科 Brassicaceae	罗马尼亚 Romania
<i>E. acantholimonis</i> KU554536.1	1031	98.24	彩花属 <i>Acantholimon</i>	百花丹科 Plumbaginaceae	朝鲜 Korea
<i>E. quercicola</i> MK240388.1	855	98.22	腰果属 <i>Anacardium</i>	漆树科 Anacardiaceae	巴西 Brazil
<i>E. quercicola</i> KM260675.1	893	98.16	柑橘属 <i>Citrus</i>	芸香科 Rutaceae	越南 Vietnam
<i>E. quercicola</i> KM260673.1	892	98.16	柑橘属 <i>Citrus</i>	芸香科 Rutaceae	越南 Vietnam
<i>E. convolvuli</i> var. MT380913.1	1019	98.13	打碗花属 <i>Calystegia</i>	旋花科 Convolvulaceae	韩国 South Korea
<i>E. berberidis</i> MN093348.1	874	98.13	小檗属 <i>Berberis</i>	小檗科 Berberidaceae	土耳其 Turkey
<i>E. quercicola</i> KX180830.1	859	98.13	橡胶树属 <i>Hevea</i>	大戟科 Euphorbiaceae	斯里兰卡 Sri Lanka
<i>E. quercicola</i> KX180825.1	852	98.13	橡胶树属 <i>Hevea</i>	大戟科 Euphorbiaceae	斯里兰卡 Sri Lanka
<i>E. quercicola</i> KX180824.1	859	98.13	橡胶树属 <i>Hevea</i>	大戟科 Euphorbiaceae	斯里兰卡 Sri Lanka
<i>E. quercicola</i> KX180823.1	853	98.13	橡胶树属 <i>Hevea</i>	大戟科 Euphorbiaceae	斯里兰卡 Sri Lanka
<i>E. quercicola</i> KX180822.1	853	98.13	橡胶树属 <i>Hevea</i>	大戟科 Euphorbiaceae	斯里兰卡 Sri Lanka
<i>E. quercicola</i> KX180821.1	854	98.13	橡胶树属 <i>Hevea</i>	大戟科 Euphorbiaceae	斯里兰卡 Sri Lanka
<i>E. quercicola</i> KX180820.1	859	98.13	橡胶树属 <i>Hevea</i>	大戟科 Euphorbiaceae	斯里兰卡 Sri Lanka
<i>E. quercicola</i> KX180819.1	859	98.13	橡胶树属 <i>Hevea</i>	大戟科 Euphorbiaceae	斯里兰卡 Sri Lanka
<i>E. magnifica</i> KJ567066.1	927	98.09	木兰属 <i>Magnolia</i>	木兰科 Magnoliaceae	中国 China
<i>E. quercicola</i> KM260679.1	894	98.04	柑橘属 <i>Citrus</i>	芸香科 Rutaceae	越南 Vietnam
<i>E. quercicola</i> KM260678.1	892	98.04	柑橘属 <i>Citrus</i>	芸香科 Rutaceae	越南 Vietnam
<i>E. quercicola</i> KM260677.1	893	98.04	柑橘属 <i>Citrus</i>	芸香科 Rutaceae	越南 Vietnam
<i>E. quercicola</i> KM260676.1	893	98.04	柑橘属 <i>Citrus</i>	芸香科 Rutaceae	越南 Vietnam
<i>E. quercicola</i> KM260674.1	890	98.04	柑橘属 <i>Citrus</i>	芸香科 Rutaceae	越南 Vietnam
<i>E. quercicola</i> MH305358.1	883	98.04	酸模属 <i>Rumex</i>	蓼科 Polygonaceae	巴西 Brazil
<i>E. magnifica</i> MW729345.1	918	98.03	木兰属 <i>Magnolia</i>	木兰科 Magnoliaceae	韩国 South Korea
<i>E. quercicola</i> KX180829.1	856	98.01	橡胶树属 <i>Hevea</i>	大戟科 Euphorbiaceae	斯里兰卡 Sri Lanka
<i>E. quercicola</i> KX180827.1	854	98.01	橡胶树属 <i>Hevea</i>	大戟科 Euphorbiaceae	斯里兰卡 Sri Lanka
<i>E. quercicola</i> KX180826.1	856	98.01	橡胶树属 <i>Hevea</i>	大戟科 Euphorbiaceae	斯里兰卡 Sri Lanka
<i>E. quercicola</i> KM260672.1	891	97.93	芒果属 <i>Mangifera</i>	漆树科 Anacardiaceae	越南 Vietnam
<i>E. quercicola</i> KM260671.1	892	97.93	芒果属 <i>Mangifera</i>	漆树科 Anacardiaceae	越南 Vietnam
<i>E. quercicola</i> KM260670.1	892	97.93	芒果属 <i>Mangifera</i>	漆树科 Anacardiaceae	越南 Vietnam
<i>E. quercicola</i> KM260669.1	895	97.93	芒果属 <i>Mangifera</i>	漆树科 Anacardiaceae	越南 Vietnam
<i>E. quercicola</i> KM260668.1	890	97.93	芒果属 <i>Mangifera</i>	漆树科 Anacardiaceae	越南 Vietnam
<i>E. quercicola</i> KX180828.1	856	97.89	橡胶树属 <i>Hevea</i>	大戟科 Euphorbiaceae	斯里兰卡 Sri Lanka
<i>E. alphitoides</i> MK357411.1	894	97.88	罗勒属 <i>Ocimum</i>	唇形科 Labiatae	印度 India
<i>E. alphitoides</i> MK357414.1	893	97.88	木兰属 <i>Magnolia</i>	木兰科 Magnoliaceae	日本 Japan
<i>E. alphitoides</i> MK357412.1	886	97.86	卫矛属 <i>Euonymus</i>	卫矛科 Celastraceae	中国 China
<i>E. quercicola</i> KM260667.1	892	97.81	芒果属 <i>Mangifera</i>	漆树科 Anacardiaceae	越南 Vietnam
<i>E. alphitoides</i> MF187451.1	963	97.80	桉属 <i>Eucalyptus</i>	桃金娘科 Myrtaceae	朝鲜 Korea
<i>E. convolvuli</i> MN093349.1	865	97.79	旋花属 <i>Convolvulus</i>	旋花科 Convolvulaceae	土耳其 Turkey
<i>E. alphitoides</i> MK357415.1	848	97.77	卫矛属 <i>Euonymus</i>	卫矛科 Celastraceae	中国 China

表2 (续)

种名与登录号 species and GenBank accession No.	片段长度/bp fragment length	相似性/% similarity	寄主 host		国家 country
			属 genus	科 family	
<i>E. lespedezae</i> MF066656.1	930	97.76	羊蹄甲属 <i>Bauhinia</i>	苏木科 Caesalpiniaceae	中国 China
<i>E. limonii</i> KU554533.1	1044	97.59	榛属 <i>Corylus</i>	桦木科 Betulaceae	奥地利 Austria
<i>P. neolycopersici</i> MH699868.1	934	97.58	补血草属 <i>Limonium</i>	百花丹科 Plumbaginaceae	朝鲜 Korea
<i>P. neolycopersici</i> KR069049.1	918	97.58	辣木属 <i>Moringa</i>	辣木科 Moringaceae	中国 China
<i>E. corylacearum</i> MW345726.1	861	97.55	榛属 <i>Corylus</i>	桦木科 Betulaceae	土耳其 Turkey
<i>E. caricae-papayae</i> LC371319.1	917	97.50	番木瓜属 <i>Carica</i>	番木瓜科 Caricaceae	印度尼西亚 Indonesia
<i>E. aquilegiae</i> KP202686.1	875	97.49	升麻属 <i>Cimicifuga</i>	毛茛科 Ranunculaceae	日本 Japan
<i>E. takamatsui</i> MK478869.1	886	97.47	百脉根属 <i>Lotus</i>	豆科 Leguminosae	中国 China
<i>E. platani</i> MN093346.1	870	97.46	悬铃木属 <i>Platanus</i>	悬铃木科 Platanaceae	土耳其 Turkey
<i>P. neolycopersici</i> LC371323.1	927	97.42	变叶木属 <i>Codiaeum</i>	大戟科 Euphorbiaceae	印度尼西亚 Indonesia
<i>P. neolycopersici</i> LC371322.1	927	97.42	变叶木属 <i>Codiaeum</i>	大戟科 Euphorbiaceae	印度尼西亚 Indonesia
<i>P. neolycopersici</i> LC371320.1	927	97.42	变叶木属 <i>Codiaeum</i>	大戟科 Euphorbiaceae	印度尼西亚 Indonesia
<i>E. aquilegiae</i> var. AB022405.1	927	97.42	盒子草属 <i>Actinostemma</i>	葫芦科 Cucurbitaceae	韩国 South Korea
<i>E. aquilegiae</i> var. MT309771.1	916	97.41	毛茛属 <i>Ranunculus</i>	毛茛科 Ranunculaceae	中国 China
<i>E. cornicola</i> AB022389.1	911	97.37	株木属 <i>Swida</i>	山茱萸科 Cornaceae	日本 Japan

围、交叉接种和多个分子标记的联合系谱进行深入分析,才能为种群划分、寄主范围的确定以及白粉病的绿色防控提供理论依据。

[参考文献]

- [1] HAWKSWORTH D L, KIRK P M, SUTTON B C, et al. Ainsworth and Bisby's dictionary of the fungi[M]. Oxon: CAB International, 1995.
- [2] 唐淑荣, 管观秀, 刘淑艳. 中国白粉菌目分类学研究现状[J]. 菌物研究, 2018, 16(3): 138. DOI: 10.13341/j.jfr.2018.8006.
- [3] BRAUN U, COOK R. Taxonomic manual of the Erysiphales (powdery mildews)[M]. UK: CBS Biodiversity Series, 2012.
- [4] BRAUN U. The current systematics and taxonomy of the powdery mildews (Erysiphales): an overview[J]. Mycoscience, 2011, 52(3): 210. DOI: 10.1007/S10267-010-0092-1.
- [5] KISS L, VAGHEFI N, BRANSROVE K, et al. Australia: a continent without native powdery mildews? The first comprehensive catalog indicates recent introductions and multiple host range expansion events, and leads to the re-discovery of *Salmonomyces* as a new lineage of the Erysiphales[J]. Frontiers in Microbiology, 2020, 11: 1571. DOI: 10.3389/fmicb.2020.01571.
- [6] TAKAMATSU S, HIRATA T, SATO Y. A parasitic transition from trees to herbs occurred at least twice in tribe Cystothecae (Erysiphaceae): evidence from nuclear ribosomal DNA[J]. Mycological Research, 2000, 104(11): 1304. DOI: 10.1017/S0953756200003014.
- [7] 任长忠, 赵钢. 中国荞麦学[M]. 北京: 农业出版社, 2015.
- [8] ZHANG K X, HE M, FAN Y, et al. Resequencing of global tartary buckwheat accessions reveals multiple domestication events and key loci associated with agronomic traits[J]. Genome Biology, 2021, 22(1): 23. DOI: 10.1186/s13059-020-02217-7.
- [9] ZHANG K X, FAN Y, WENG W F, et al. *Fagopyrum longistylum* (Polygonaceae), a new species from Sichuan, China[J]. Phytotaxa, 2021, 482(2): 173. DOI: 10.11646/phytotaxa.482.2.5.
- [10] 张国权, 师学文, 罗勤贵. 陕西主要荞麦品种的淀粉理化特性分析[J]. 西北农林科技大学学报(自然科学版), 2009, 37(5): 105. DOI: 10.13207/j.cnki.jnwafu.2009.05.016.
- [11] 赵霞, 韩一军. 荞麦市场分析: 种植面积和产量均居世界第1位, 原料种植效益低[R/OR]. (2020-11-08) [2022-02-19]. <https://new.qq.com/omn/20201108/20201108A0-B9G200.html>.
- [12] WANG C T, YEH Y W, LIN L D, et al. First record of the powdery mildew fungus *Erysiphe polygoni* on the introduced coral vine *Antigonon leptopus* (Polygonaceae) in Taiwan[J]. Plant Pathology & Quarantine, 2019, 9(1): 160. DOI: 10.5943/ppq/9/1/14.
- [13] 邓丽君, 廖新福, 王惠林, 等. 甜瓜白粉病离体叶片接种方法研究[J]. 中国瓜菜, 2015, 28(3): 18. DOI: 10.16861/j.cnki.zggc.2015.03.006.
- [14] KIRK P, CANNON P, STALPERS J, et al. Dictionary of the fungi[M]. 10th edition. Great Britain: CABI Publishing, 2008.
- [15] 郑儒永. 中国真菌志: 第一卷: 白粉菌目[M]. 北京: 中国科学院微生物研究所, 1984.
- [16] LU W J, WANG L H, WANG Y Q, et al. First report of powdery mildew caused by *Erysiphe polygoni* on buckwheat in Yunnan, China[J]. Plant Disease, 2015, 99(9): 1111.

1282. DOI: [10.1094/PDIS-12-14-1334-PDN](https://doi.org/10.1094/PDIS-12-14-1334-PDN).
- [17] 文静, 刘铁志, 赵冰. 内蒙古4种白粉菌的ITS序列分析[J]. 江苏农业科学, 2014, 42(12): 50. DOI: [10.15889/j.issn.1002-1302.2014.12.014](https://doi.org/10.15889/j.issn.1002-1302.2014.12.014).
- [18] WHITE T, BRUNS T, LEE S, et al. PCR protocols: a guide to methods and applications[M]. San Diego: Academic Press, 1990.
- [19] TAKAMATSU S, LIMKAISANG S, BRAUN U. Phylogenetic relationships and generic affinity of *Uncinula septata* inferred from nuclear rDNA sequences[J]. Mycoscience, 2005, 46(1): 9. DOI: [10.1007/S10267-004-0205-9](https://doi.org/10.1007/S10267-004-0205-9).
- [20] TAMURA K, PETERSON D, PETERSON N, et al. Mega5: molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods[J]. Molecular Biology and Evolution, 2011, 28(10): 2731. DOI: [10.1093/molbev/msr121](https://doi.org/10.1093/molbev/msr121).
- [21] VIELBA-FERNÁNDEZ A, POLONIO Á, RUIZ-JIMÉNEZ L, et al. Fungicide resistance in powdery mildew fungi[J]. Microorganisms, 2020, 8(9): 1431. DOI: [10.3390/microorganisms8091431](https://doi.org/10.3390/microorganisms8091431).
- [22] LINDE M, HATTENDORF A, KAUFMANN H, et al. Powdery mildew resistance in roses: QTL mapping in different environments using selective genotyping[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2006, 113(6): 1081. DOI: [10.1007/s00122-006-0367-2](https://doi.org/10.1007/s00122-006-0367-2).
- [23] ATTANAYAKE R N, GLAWE D A, MCPHEE K E, et al. *Erysiphe trifolii*: a newly recognized powdery mildew pathogen of pea[J]. Plant Pathology, 2010, 59(4): 712. DOI: [10.1111/j.1365-3059.2010.02306.x](https://doi.org/10.1111/j.1365-3059.2010.02306.x).
- [24] DEAN R, VAN KAN J A L, PRETORIUS Z A, et al. The top 10 fungal pathogens in molecular plant pathology[J]. Molecular Plant Pathology, 2012, 13(4): 414. DOI: [10.1111/j.1364-3703.2011.00783.x](https://doi.org/10.1111/j.1364-3703.2011.00783.x).
- [25] ROGERSON C T. Host range and geographical distribution of powdery mildew fungi[M]. Tokyo: Japan Scientific Societies Press, 1987.
- [26] TAKAMATSU S, ITO ARAKAWA H, SHIROYA Y, et al. First comprehensive phylogenetic analysis of the genus *Erysiphe* (Erysiphales, Erysiphaceae) I: the *Microsphaera* lineage[J]. Mycologia, 2015, 107(3): 475. DOI: [10.3852/15-007](https://doi.org/10.3852/15-007).
- [27] HUMPHRY M E, MAGNER T, MCINTYRE C L, et al. Identification of a major locus conferring resistance to powdery mildew (*Erysiphe polygoni* DC) in mungbean (*Vigna radiata* L. Wilczek) by QTL analysis[J]. Genome, 2003, 46(5): 738. DOI: [10.1139/g03-057](https://doi.org/10.1139/g03-057).
- [28] BOLTON M D, NEHER O T. First report of Q(O)I-insensitive powdery mildew (*Erysiphe polygoni*) on sugar beet in the United States[J]. Plant Disease, 2014, 98(7): 1004. DOI: [10.1094/PDIS-12-13-1217-PDN](https://doi.org/10.1094/PDIS-12-13-1217-PDN).
- [29] BEENKEN L. First records of the powdery mildews *Erysiphe platani* and *E. alphitoides* on *Ailanthus altissima* reveal host jumps independent of host phylogeny[J]. Mycological Progress, 2017, 16(2): 135. DOI: [10.1007/s11557-016-1260-2](https://doi.org/10.1007/s11557-016-1260-2).

责任编辑: 何承刚