

李文雯, 庞学兵, 易小龙, 等. 新疆部分棉区棉花黄萎病病菌致病力分化的遗传多样性分析[J]. 江苏农业科学, 2018, 46(17): 83–87.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2018.17.020

新疆部分棉区棉花黄萎病病菌致病力分化的遗传多样性分析

李文雯, 庞学兵, 易小龙, 李 国, 张梦恬, 王爱英

(石河子大学生命科学学院/农业生物技术重点实验室, 新疆石河子 832000)

摘要:以筛选出的特异性强、重复性好、多态性丰富的 9 条简单重复序列标记 (simple sequence repeat, 简称 SSR) 引物对新疆不同棉区致病力分化的 46 株棉花黄萎病病菌 [大丽轮枝菌 (*Verticillium dahliae*)] 进行 SSR 分子检测, 根据遗传多样性, 并结合不同菌株的棉区区域来源、菌落培养类型以及致病力进行关联性分析。结果表明, 遗传多样性与致病力分化没有相关性, 遗传多样性较低的地区有更多的强致病力菌株。通过 SSR 分析发现, 棉花黄萎病病菌遗传多样性与菌株棉区区域来源有一定的相关性, 致病力检测结果显示, 同一地区内和不同地区之间的黄萎病病菌致病力均出现了明显的分化现象。致病强的菌株以菌核型菌株为主, 中等致病力和弱致病力菌株中也有菌核型菌株出现。

关键词:棉花黄萎病; SSR; 大丽轮枝菌; 致病力分化; 遗传多样性

中图分类号: S435.621.2⁺4 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2018)17-0083-04

棉花黄萎病是危害新疆棉花生产的重要因素, 而大丽轮枝菌 (*Verticillium dahliae*) 是引发棉花黄萎病最重要的致病菌, 因此对其菌落形态、遗传进化和致病力之间进行相关性分析, 探讨菌株的起源和发展以及控制策略尤其重要。然而仅靠传统的形态学分类和致病性检测进行种间及种内鉴定, 难以准确揭示物种间的进化关系。分子标记的高速发展, 使得在基因水平上探讨物种进化成为可能。多种分子标记如简单重复序列 (simple sequence repeat, 简称 SSR)、简单重复序列间隔区 (inter-simple sequence repeat, 简称 ISSR)、限制性片段多态性 (amplified fragment length polymorphism, 简称 AFLP)、单核苷酸多态性 (single nucleotide polymorphisms, 简称 SNP)^[1-6] 等已经被广泛用于致病菌的遗传多样性、致病力、区域来源的相关性研究以及物种起源的推测等。我国目前对大丽轮枝菌的研究大多收集的是不同生态环境与不同寄主来源的菌株, 采集更多菌株能更好地丰富我国的致病菌资源。不同地区的菌落形态分布也会显著不同。目前的研究大多从生物学角度根据大丽轮枝菌在马铃薯葡萄糖琼脂 (potato dextrose agar, 简称 PDA) 培养基上的菌落形态将其划分为 3 种培养类型, 即菌丝型、菌核型、中间型^[7-8]。本研究通过简单重复序列标记分析新疆部分棉区棉花黄萎病病菌 (大丽轮枝菌) 与其区域来源、致病力的关系, 并探讨其在新疆棉区的菌落形态分布情况。从生物学、系统发育学水平对新疆棉花黄萎病病菌进行系统研究, 以期为致病菌的遗传分化和系统发育研究奠定理论基础。

1 材料与方法

1.1 试验材料

棉花品种为新陆早 7 号 (感病品种)、中棉 35 (耐病品种)、新陆早 33 号 (抗病品种), 由笔者所在实验室保存。

1.2 试验方法

1.2.1 菌株来源 2015 年 7 月下旬至 2016 年 8 月上旬在新疆南疆和北疆的部分棉区采集病样, 并在流水下冲洗 1 h, 再将其放入 75% 乙醇中浸泡 1 min, 0.1% HgCl₂ 表面消毒 2~5 min, 用蒸馏水冲洗 3 次, 无菌滤纸吸干水分。在超净工作台上将样品剪成 0.5 cm 的小茎段, 然后放置于 PDA 培养基上并于 25 ℃ 条件下进行暗培养。待培养基上长出白色菌丝时, 打取直径为 5 mm 的菌饼转接种到新鲜的 PDA 培养基上。培养 7 d 后, 用无菌水洗下孢子制成孢子悬浮液, 吸取 200 μL 孢子悬浮液均匀涂布于 PDA 培养基上, 培养条件同上, 然后用打孔器取单菌落, 分离纯化得到菌株。将纯化的菌株接种于液体查氏培养基中, 并于 25 ℃、160 r/min 条件下暗培养 7 d, 摇匀用移液枪吸取孢子悬浮液置于血球计数板上, 然后在 40 倍显微镜下观察计数。用蒸馏水将孢子悬浮液浓度稀释为 1 × 10⁶ CFU/mL, 用于致病力检测试验。

1.2.2 黄萎病病菌致病力检测 采用撕底蘸根法检测黄萎病病菌的致病力, 具体操作为用硫酸对棉花种子进行脱绒, 然后在 50~60 ℃ 的温水中浸泡催芽 2 h, 播种于直径为 15 cm 的纸钵 (盛有蛭石与营养土, 其体积比为 1:1) 中, 每个纸钵播种 2~3 粒种子, 置于光一暗周期为 8 h—16 h、温度为 25 ℃ 的温室中培养。待棉花长出 2 张真叶时接种大丽轮枝菌孢子悬浮液, 每个纸钵接种 50 mL, 每个菌株接种 3 个纸钵, 侵染前剪切棉花须根形成伤口, 以利于病菌侵染。接种后每 7 d 统计 1 次发病情况, 连续统计 1 个月。最后计算病情指数, 分析不同地区间的致病力差异。发病病级的确定参照文献[9], 以病情指数 < 25.0 为弱致病力菌株, 25.0 ≤ 病情指

收稿日期: 2017-04-05

基金项目: 校企合作项目 (编号: 0257-5001601)。

作者简介: 李文雯 (1990—), 女, 重庆人, 硕士研究生, 研究方向为微生物分子遗传和功能基因组学。E-mail: 1377217965@qq.com。

通信作者: 王爱英, 硕士, 副研究员, 研究生导师, 研究方向为植物基因工程。E-mail: way-sh@126.com。

数≤35.5 为中等致病力菌株,病情指数>35.5 为强致病力菌株。

病情指数 = 100 × Σ (各级病株数 × 相应病级) / (调查总株数 × 最高病级)。

1.2.3 黄萎病病菌的形态观察 将不同来源的棉花黄萎病病菌菌株接种于 PDA 培养基上活化,吸取孢子悬浮液涂布于 PDA 培养基上,挑取单菌落置于培养基上,倒置于培养箱内, 25 ℃ 暗培养 7 d 后观察,根据菌落是否产生微菌核以及微菌核产量的多少,将菌株划分为菌核型(微菌核产量多,菌丝浓密)、菌丝型(不产微菌核)、中间型(微菌核产量少,周边膜状),分析各个菌落类型在不同致病力类群中的占比,进而确定致病力和培养类型的关系。每个菌株 3 次重复。

1.2.4 遗传多样性分析

1.2.4.1 基因组 DNA 的提取 按照 Raeder 等的十六烷基三甲基溴化铵(hexadecyl trimethyl ammonium bromide,简称 CTAB)法^[10]提取棉花黄萎病病菌的 DNA,用于后续 SSR 分子标记的检测。

1.2.4.2 SSR 分子标记检测 使用实验室前期筛选得到的 9 条 SSR 特异性引物(表 1)对 46 株大丽轮枝菌进行 SSR 检测,采用 0.1 矩阵记录条带数。二进制矩阵记录了 46 个菌株 9 条引物产生的所有条带。使用 POPGENE32 计算各个棉区大丽轮枝菌的遗传多样性,分析各个地区间的菌株遗传多样性与菌株致病力类型分布的关系。使用 GenALEX 6.502 中的 AMONA 和 PCOA 分析种群内和种群间的基因变异得到多样性数值(多样性分化系数 Phi PT),进一步分析得到多样性分布。根据“1.2.2”节的致病力划分标准,将菌株划分为强、中、弱等 3 个致病力类型,计算各个致病类型在基因多样性上存在的区别。根据不同的区域来源将菌株划分为 4 个地区(和硕县、焉耆回族自治县、玛纳斯县、呼图壁县等)类型,根据多样性数值计算 4 个地区类型之间和类型内的多样性百分率,以了解不同致病力和不同地区来源是否具有相关性。扩增体系为 25 μL,其中包含 1.0 μL 模板、13.5 μL 2 × Easy Taq Superm Mix,各 1.0 μL 上、下游引物,用 ddH₂O 补齐 25.0 μL。

表 1 不同引物的最佳退火温度

引物代码	引物序列(5'→3')	最佳退火温度(℃)
7	F:AGACCAAGAGCAAGCAA	47
	R:AACCAACCACCAAGACAT	
19	F:CAGGCAGACCTTTGGGAC	47
	R:GTGATAGCGGCGTGGGAT	
21	F:ACGACAAGAAAAGCGACG	48
	R:ATGGGAGAGAGAAGGGGAC	
29	F:TGGTACGCCGACGAGGT	50
	R:GGAAGCAGGAAGGGAAG	
31	F:TCTGGAAAGCAAGCGGAG	51
	R:GTGGACAGGGCGGGAGGT	
43	F:GTGGGGTAAAAAGAGGCG	50
	R:AAGGCAAGAAGAGGGCGT	
37	F:TTTGGTGAAATGCGAATAC	51
	R:GGGAAGGAGGAAGGGGA	
45	F:AATCGGTGCAGCCACAAG	51
	R:GTCGTCACTGATTCTCGGCT	
47	F:TTTGGTGAAATGCGAATAC	52
	R:GGGAAGGAGGAAGGGGA	

扩增参数为 95 ℃ 预变性 5 min;95 ℃ 变性 1 min,退火(退火温度见表 1) 1 min,72 ℃ 延伸 3 min,30 个循环;72 ℃ 延伸 10 min。

2 结果与分析

2.1 供试菌株的培养类型和致病力检测

采用随机分点采样法从新疆南疆和北疆部分棉区的发病棉田分别采集 57 株棉花病株,分离、纯化、鉴定得到 46 株致病力不同的大丽轮枝菌,具体见表 2。

表 2 不同棉区菌株的菌落培养类型以及致病力测定结果

序号	菌名	采样地点	培养类型	病情指数	致病力类型
1	h3-1	和硕	菌核型	34.827	+
2	h3-5	和硕	中间型	52.810	++
3	h1-1	和硕	中间型	14.717	-
4	h3-7	和硕	菌丝型	15.880	-
5	h3-11	和硕	中间型	34.773	+
6	h1-2	和硕	中间型	22.900	-
7	h3-2	和硕	菌丝型	25.690	+
8	h3-14	和硕	菌丝型	25.263	+
9	h3-4	和硕	菌核型	50.207	++
10	h3-9	和硕	菌核型	40.747	++
11	y3-8	焉耆	菌核型	41.033	++
12	y3-18	焉耆	菌核型	25.397	+
13	y3-6	焉耆	菌丝型	16.070	-
14	y3-13	焉耆	菌核型	45.730	++
15	y1-3	焉耆	菌核型	35.150	+
16	y3-19	焉耆	菌核型	23.363	-
17	y3-5	焉耆	菌核型	50.590	++
18	y1-4	焉耆	菌丝型	15.330	-
19	y3-20	焉耆	菌核型	25.797	+
20	y1-6	焉耆	中间型	56.213	++
21	y3-14	焉耆	中间型	25.480	+
22	y1-1	焉耆	菌丝型	32.927	+
23	m1-9	玛纳斯	菌核型	49.447	++
24	m1-1	玛纳斯	菌丝型	26.043	+
25	m1-2	玛纳斯	菌丝型	49.447	++
26	m1-11	玛纳斯	菌核型	47.837	++
27	m1-7	玛纳斯	中间型	35.303	+
28	m1-3	玛纳斯	菌核型	17.240	-
29	m2-5	玛纳斯	中间型	57.200	++
30	m2-3	玛纳斯	菌丝型	26.617	+
31	m4-8	玛纳斯	菌核型	14.480	-
32	m2-4	玛纳斯	菌核型	50.377	++
33	m2-8	玛纳斯	菌核型	27.360	+
34	m2-1	玛纳斯	菌核型	57.167	++
35	m1-12	玛纳斯	菌核型	34.010	+
36	hu1-7	呼图壁	菌核型	26.100	+
37	hu1-9	呼图壁	菌核型	15.423	-
38	hu2-1	呼图壁	菌核型	27.577	+
39	hu2-5	呼图壁	菌核型	34.480	+
40	hu2-6	呼图壁	中间型	14.440	-
41	hu2-7	呼图壁	中间型	27.793	+
42	hu2-4	呼图壁	菌核型	45.100	++
43	hu1-6	呼图壁	菌丝型	36.900	++
44	hu2-2	呼图壁	菌丝型	15.787	-
45	hu2-9	呼图壁	菌丝型	26.597	+
46	hu3-3	呼图壁	菌核型	29.153	+

注:++表示强致病力;+表示中等致病力;-表示弱致病力。

2.2 致病力检测分析

由表 3 可知,4 个地区棉花黄萎病强致病力菌株占总体菌株的 32.61%,中等致病力菌株占 43.48%,弱致病力菌株占 23.91%。说明新疆棉区的棉花黄萎病病菌以中等致病力菌株为主,强致病力菌株所占比例次之,弱致病力菌株较少。玛纳斯棉区的棉花黄萎病病菌强致病力菌株所占比例最高,呼图壁棉区的强致病力菌株所占的比例最少。

表 3 不同地区致病力类型所占供试菌株的比例

致病力类型	不同地区所占比例(%)			
	玛纳斯	焉耆	和硕	呼图壁
强致病力	46.15	33.33	30.00	18.18
中等致病力	38.46	41.67	40.00	54.55
弱致病力	15.38	25.00	30.00	27.27

2.3 不同致病力菌株的菌落培养类型分析

由表 4 可知,大部分菌株属于菌核型,占比为 52.17%;菌丝型次之,占比为 26.09%;中间型最少,占比为 21.74%。说明菌核型菌株属于新疆地区普遍存在的优势种群。强致病力类型中的菌核型菌株和菌丝型菌株分别占该致病力类型总株数的 66.67%、13.33%,中等致病力类型中的菌核型和菌丝型分别占该致病力类型总株数的 50.00%、30.00%,弱致病力类型中的菌核型和菌丝型类型均占该致病力类型总株数的 36.36%。

表 4 46 株大丽轮枝菌的培养类型在不同致病力类型里的分布情况

培养类型	不同致病力类型中菌株数量(株)		
	强致病力类型	中等致病力类型	弱致病力类型
菌丝型	2	6	4
中间型	3	4	3
菌核型	10	10	4

3 个致病力类型虽然都出现了菌丝型和菌核型菌株,但不同培养类型的致病力类型分布不同,其中在强致病力类型和中等致病力类型中菌核型菌株占据主导地位,菌丝型菌株在弱致病力类型中相对于其他 2 种致病力类型占据较多比例,且随着致病力类型总体致病力的逐渐减弱,菌核型比例减少,菌丝型比例增大,说明菌落的形态与黄萎病病菌的致病力类型有一定的相关性。

2.4 遗传多样性分析

将试验所得的检测条带先在 Excel 中编辑成 0、1 矩阵,然后将 0、1 矩阵转换成 txt 文件,导入到 POPGENE32 中进行 dominant 模块计算,得到 4 个不同棉区来源的棉花黄萎病病菌菌株类型间的遗传分化系数(G_{st})为 0.243 3,每代迁移数(N_m)为 1.554 9,群体总基因多样性(H_t)为 0.336 1,各棉区群体内基因多样性(H_s)为 0.254 3。玛纳斯、焉耆、呼图壁、和硕等 4 个地区的 Shannon's 信息指数(I)分别为 0.421 3、0.338 5、0.356 8、0.429 3,Nei's 遗传多样性指数(H)分别为 0.277 9、0.221 6、0.232 7、0.285 2。分析发现,焉耆地区的 Shannon's 信息指数和 Nei's 遗传多样性指数最低,说明该地区黄萎病病菌菌株之间具有较高的亲缘关系。

使用 NTSYS 软件基于 46 株菌株的遗传相似系数进行主坐标分析,得到各个菌株之间的二维分布。由图 1 可知,玛纳斯棉区与呼图壁棉区的菌株地理位置较近,但遗传关系却相对较远。玛纳斯与和硕棉区的菌株亲缘关系较近。各个致病

力类型和培养类型相同的菌株没有聚拢在一起,分布松散。但同一地区的菌株能够大致聚集在一起,在焉耆和玛纳斯地区,来自相同棉区菌株之间的亲缘关系较近,因此各个菌株聚集得较为紧密,而和硕与呼图壁地区菌株的亲缘关系较远,因此各个菌株分布松散。同时可以看出,焉耆地区和其他 3 个地区之间的菌株亲缘关系较远。

3 种不同致病力类型之间的基因多样性差异不大。由图 2 可知,不同类型间的基因多样性(6%)远远小于不同类型内的基因多样性(94%),说明致病力不同在多样性上体现微弱的差异,因此基因多样性分子标记不能作为致病力评估指标。由图 3 可知,4 个区域来源的菌株在同一个地区内的变异较大(基因多样性为 87%),不同地区间的变异较小(基因多样性只有 13%)。虽然地区间的基因多样性有差异,但是这种差异极小,远远低于地区内,但也可以说明菌株的基因多样性与区域来源有一定的相关性。POPGENE32 的分析结果也显示,基因流动使得个体迁移对菌株基因多样性起到一定作用。不同区域来源的黄萎病病菌没有因为区域来源不同而形成地理隔离种群结构,说明地理环境的自然选择压力未造成菌株的基因差异。

3 讨论

本研究的菌株致病力类型与培养性状类型之间存在一定的相关性,强致病力菌株大多为菌核型,而弱致病力菌株中菌丝型较多。在 3 个致病力类型中,中等致病力菌株在 4 个采样地都有广泛分布,可能是由于在侵染过程中发病比强致病力型菌株轻缓,具有更大的繁殖潜力,在植物未致死的情况下可以获得更大的生物量,保存在病残体中作为来年的侵染源。弱致病力菌株由于毒力较弱,定殖量较少。因此,中等致病力菌株成为优势种群。

遗传多样性分析发现,类群内的多样性明显高于类群间的多样性,说明不同棉区来源的大丽轮枝菌菌株间存在一定的基因流动,也说明总体的遗传分化丰富。多态性较丰富的地区如和硕,强致病力菌株占比没有明显大于其他地区;而多态性较低的地区如焉耆,弱致病力菌株占比也没有明显大于其他地区。菌株多样性指数较高的类型,没有相对较强的致病力。因此认为,种群的基因多样性高低不会对致病力的强弱产生影响,进一步证明遗传多样性没有在大丽轮枝菌的致病力强弱方面表现出明显差异。

菌株多样性分析结果显示,焉耆和呼图壁虽然在地理位置上相聚较近,然而却在遗传多样性分化上表现出很远的亲缘关系。北疆地区的玛纳斯和和硕在地理位置上相聚较远,在遗传多样性聚类中却表现出比较近的亲缘关系,因此大丽轮枝菌没有在不同的地理位置产生与多样性相关的差异性。但基因相似性系数得到的主坐标分析图显示各个地区各个菌株相互之间都存在不同程度的丰富多态性,说明同一地区的各个菌株之间遗传分化严重,多样的遗传分化也为菌株适应过程中的致病力分化改变提供了可能。

棉花黄萎病病菌的不同致病力类型间以及种群内的遗传多样性十分丰富,却不能用于致病力强弱的辨别,遗传多样性与致病力强弱的相关性不是十分明显,可以判断这种遗传多样性不是由致病力强弱差异所引起。而遗传多样性和棉区区

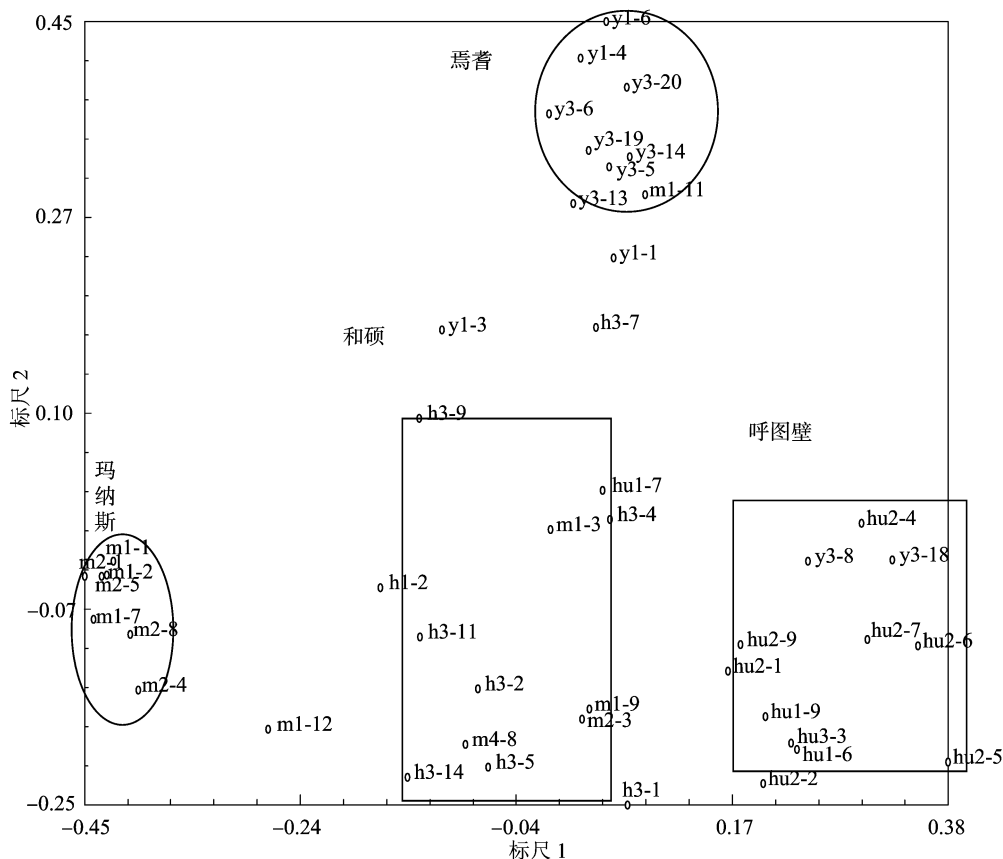


图1 各采样地所有菌株的主坐标分析

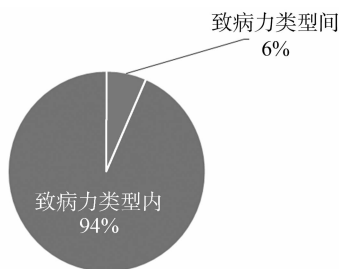


图2 3 种不同致病力类型间以及类型内的基因多样性

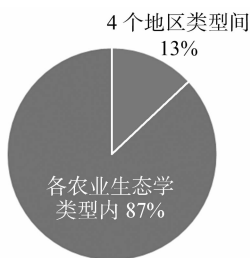


图3 4 个地区类型间以及各个农业生态学类型内的遗传多样性

域来源表现出一定的相关性,可能是由不同棉区种植的棉花品种不同所导致的^[11-12]。除此之外,致病力分化的菌株遗传多样性还有其他来源,例如突变、基因漂移以及有性、无性重组等,因此病原微生物可以在种内产生遗传多样性^[13]。现有资料显示,某些植物内生微生物在与宿主发生联系时,可增强宿主的抗病性、提高植物的生命力^[14]。反过来寄主较高的多

样性也会引起病原菌新基因型的出现,并且伴随新的生物学特性,例如病原菌的适应性和对杀真菌剂的抗性等。本研究中和硕地区菌株的遗传多样性较高,说明该地区菌株的适应力相对其他地区强,有更广泛的分布;而新疆焉耆地区遗传多样性低,推测大丽轮枝菌还没有充分和寄主作用而发生变异,可能是由于引入大丽轮枝菌的时间相对较短,该地区棉花黄萎病发生的时间相比其他地区较晚。

4 结论

在新疆部分主要产棉地区采集了黄萎病的田间病株,对其病原菌进行培养类型观察,通过遗传多样性和致病力分化研究发现,致病力强弱与菌株的培养类型有关联性,强致病力类型存在更多的菌核型菌株。分子标记的遗传多态性很丰富,由此可以说明,多态性可以反映其致病力多样化的进程,部分地区采用轮作的种植模式,可能会为病原菌提供协同进化的相关寄主,而寄主的多元化将促进病原菌的分化。玛纳斯地区以强致病力类型菌株为主,呼图壁的菌株以中等致病力类型为主。新疆地区的菌株多样性和病株来源地有一定的相关性,但基因的多样性标记不能作为不同致病力的鉴别标志。各个致病菌的变异类型在不同棉区分布广泛且适应性强,反映了不同菌株致病力的分化潜力,可为进一步探讨棉花黄萎病病菌遗传变异提供方向。

参考文献:

[1] 尹志新,朱荷琴,李志芳,等. 我国棉花黄萎病菌基于 SSR 的遗传

高 宇,刘延超,夏婷婷,等. 黄蓍马的寄主范围、生物学特性及危害特点综述[J]. 江苏农业科学,2018,46(17):87-90.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2018.17.021

黄蓍马的寄主范围、生物学特性及危害特点综述

高 宇,刘延超,夏婷婷,崔 娟,史树森

[吉林农业大学农学院/农业部(吉林)大豆区域技术创新中心,吉林长春 130118]

摘要:黄蓍马是一种经济作物害虫,在世界各地均有分布,寄主范围广泛,可危害近百种作物,在我国尚未对其进行过全面系统的研究。对黄蓍马的形态特征、寄主范围、分布、生物学特性、危害特点进行介绍,以期对相关研究及检疫工作提供参考。

关键词:黄蓍马;寄主范围;分布;生物学特性;危害特点

中图分类号: S433.89 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2018)17-0087-04

黄蓍马(*Thrips flavus*)隶属缨翅目(Thysanoptera)蓍马科(Thripidae),别称为节瓜蓍马、瓜亮蓍马、淡色蓍马等^[1-3],英文名称为 apple blossom thrips、blossom thrips、cucurbit thrips、flower thrips、pea blossom thrips 等^[4]。黄蓍马是经济作物的重要害虫,可危害近百种作物。黄蓍马曾于 1996 年在河南省周口地区暴发成灾,发生面积达 20 余万 hm^2 ,受害作物有 10 多种,其中棉花、大豆、茄子、黄瓜等受害最重^[5]。1994—1999 年,黄蓍马严重危害安徽省砀山县酥梨^[6];在广东省广州市秋季集中危害,严重影响蔬菜供应^[7];是四川省凉山州石榴

的新害虫^[8-9];也是烟草、甘蔗、节瓜、黄瓜、西瓜、辣椒、花卉、大豆、棉花等的重要害虫^[3,10-12]。由于其在世界各地分布广泛、寄主植物众多、危害较严重且具有较强的抗药性,再度引起人们的广泛关注^[13-15]。为了防止黄蓍马造成更大的危害,本文对其形态特征、寄主范围、分布、生物学特性、危害特点进行介绍,以供研究参考。

1 黄蓍马的形态及分类

雌虫体长约 1.1 mm。体、足、触角和翅为黄色,触角节 III ~ V 端部大半部较暗,节 VI ~ VII 暗棕色,腹部节 II ~ VIII 前缘线较暗,体鬃和翅鬃暗棕色。眼前、后有横纹,复眼较突出。单眼间鬃在前单眼之后,位于前、后单眼中心连线上;单眼后鬃距后单眼近,长与单眼间鬃相近;复眼后鬃眼围呈单行排列于复眼后缘。触角 7 节,节 III ~ IV 端部稍细缩,节 III、IV 又状感觉锥伸达前节基部。前胸背片布满横线纹,但中部较弱。背片鬃约 30 根,前外侧有 1 根鬃较粗,后外侧有 1 根鬃较粗而长。中胸盾片布满纹,前外侧鬃粗且长,中后鬃距后鬃远,

收稿日期:2017-04-16

基金项目:农业部东北作物有害生物综合治理重点实验室开放基金(编号:DB201505KF03);国家现代农业产业技术体系建设专项(编号:CARS-04)。

作者简介:高 宇(1983—),男,吉林长春人,博士,副教授,主要从事农业害虫综合治理研究。E-mail:627492257@qq.com。

通信作者:史树森,教授,主要从事农业害虫综合治理与昆虫资源利用研究。E-mail:sss-63@263.net。

多样性分析[J]. 棉花学报,2011,23(4):369-378.

[2] Erdogan O, Nemi S, Oncu T, et al. Genetic variation among pathotypes of *Verticillium dahliae* Kleb. from cotton in western Turkey revealed by AFLP[J]. Canadian Journal of Plant Pathology, 2013, 35(3):354-362.

[3] Gharbi Y, Triki M A, Trabelsi R, et al. Genetic structure of *Verticillium dahliae* isolates infecting olive trees in Tunisia using AFLP, pathogenicity and PCR markers[J]. Plant Pathology, 2015, 64:871-879.

[4] 邵家丽, 缪卫国, 刘海洋, 等. 新疆主要棉区棉花黄萎病菌致病力分化及其遗传多样性分析[J]. 新疆农业科学, 2009, 46(1):122-127.

[5] Milgroom M G, Del Mar Jiménez-Gasco M, Olivares-García C, et al. Clonal expansion and migration of a highly virulent, defoliating lineage of *Verticillium dahliae*[J]. Phytopathology, 2016, 106(9):1038-1046.

[6] 宋培玲, 李子钦, 杨家荣. 棉花黄萎病菌遗传多样性的 ISSR 分析[J]. 西北农林科技大学学报(自然科学版), 2011, 39(1):113-118, 125.

[7] 於 春, 李淑英, 刘方志, 等. 安徽省棉花黄萎病菌培养性状与致病性分析[J]. 棉花科学, 2015, 37(1):19-23.

[8] 金利容, 万 鹏, 黄 薇, 等. 长江流域棉花黄萎病菌的致病力多样性和遗传多样性分析[J]. 湖北大学学报(自然科学版), 2016, 38(2):120-126, 134.

[9] 王 铭, 臧丽丽, 范 凯, 等. 黄萎病菌毒素联合法鉴定棉花对黄萎病的抗性[J]. 中国农业科学, 2015, 48(9):1678-1688.

[10] Raeder U, Broda P. Rapid preparation of DNA from filamentous fungi[J]. Letters in Applied Microbiology, 1985, 1(1):17-20.

[11] 田新莉, 李 晖, 赵宗胜, 等. 新疆棉花黄萎菌不同致病类型的 RAPD 指纹分析[J]. 棉花学报, 2001, 13(6):346-350.

[12] 孔德真, 黎玉顺, 裴 娟, 等. 新疆乌苏地区棉花黄萎病菌分离鉴定和致病力分析[J]. 中国农学通报, 2015, 31(20):61-66.

[13] Marulanda M L, López A M, Isaza L, et al. Microsatellite isolation and characterization for *Colletotrichum* spp., causal agent of anthracnose in Andean blackberry[J]. Genetics and Molecular Research, 2014, 13(3):7673-7685.

[14] 许宗弘. 棉花枯黄萎病研究现状及展望[J]. 知识经济, 2010(16):132.