DOI:10.13718/j.cnki.zwyx.2024.05.004

重庆市桃树真菌病害病原鉴定

胡浩然[1]，　吴孟林[1]，　张会园[1]，　张玢[2]，
卢亚明[3]，　青玲[1]，　吴根土[1]

1. 西南大学 植物保护学院，重庆 400716；
2. 重庆日报报业集团，重庆 401120；
3. 重庆润璞生态农业科技有限公司，重庆 400721

摘　要：桃树是我国重要经济树种，近年来，随着种植面积的扩大，各类病害的发生对我国桃产量与质量造成了影响，其中真菌病害尤为严重. 田间观察发现重庆市北碚区桃树主要患病部位为叶片及果实，病原菌侵染叶片使叶面形成病斑并产生不规则穿孔，侵染果实使其部分或整个腐烂. 本研究从重庆市北碚区桃园采集桃树患病样本，通过真菌分离纯化获得 10 种不同种类的真菌菌株，利用柯赫氏法则进行致病性测定，得到对应的致病菌株. 提取菌株 DNA 采用多基因序列进行分析，扩增 *ITS*、*CAL*、*GAPDH*、*TUB2* 基因片段，构建系统发育树，并结合形态特征，最终确定了导致桃树叶片穿孔病的真菌为胶孢炭疽菌（*Colletotrichum gloeosporioides*），导致果实腐烂病的真菌为美澳型核果褐腐病菌（*Monilinia fructicola*），该研究结果可以为后续开展桃树真菌病害防控工作提供理论支持.

关　键　词：桃；真菌病害；病原菌鉴定；致病性测定

中图分类号：S436.634　　**文献标志码：**A

文 章 编 号：2097－1354(2024)05－0028－12

开放科学(资源服务)标识码(OSID):

Pathogenic Identification of Peach Tree Fungal Diseases in Chongqing

HU Haoran[1]，　WU Menglin[1]，　ZHANG Huiyuan[1]，
ZHANG Fen[2]，　LU Yaming[3]，
QING Ling[1]，　WU Gentu[1]

收稿日期：2024－05－05
基金项目：重庆市核桃主要病害病原鉴定及其发病规律研究(2022001065).
作者简介：胡浩然，本科，主要从事植物病理学研究.
通信作者：吴根土，博士，副教授.

1. College of Plant Protection, Southwest University, Chongqing 400716, China;
2. Chongqing Daily Newspaper Group, Chongqing 401120, China;
3. Chongqing Runpu Ecological Agriculture Technology Co. Ltd, Chongqing 400721, China

Abstract: Peach tree is an important economic tree species in China. In recent years, with the increase of planting area, occurrence of the various diseases have had an impact on the yield and quality of peaches in China, among which fungal diseases are particularly serious. Field observations revealed that the main diseased parts of peach trees in Beibei District, Chongqing are the leaves and fruits. Pathogens infect the leaves, causing the formation of disease spots and irregular perforation on the leaf surface, and infect the fruits to cause partial or complete rot of the fruit. This study collected the diseased peach tree samples from orchards in Beibei District, Chongqing. Through fungal isolation and purification, 10 different species of fungal strains were obtained, and the corresponding pathogenic strains were determined by using Koch's rule. Fungal DNA was extracted and analyzed with multi gene sequences to amplify *ITS*, *CAL*, *GAPDH*, and *TUB2* gene fragments and construct the phylogenetic tree. Combined with morphological characteristics, the fungus causing peach tree leaf perforation disease was ultimately determined to be *Colletotrichum gloeosporioides*, and the fungus causing fruit rot disease was determined to be *Monilinia fruticola*. The research results can provide theoretical support for the subsequent prevention and control of fungal diseases in peach trees.

Key words: *Prunus persica*; fungal diseases; pathogen identification; pathogenicity test

桃(*Prunus persica*)，蔷薇科李属小乔木，其原产于中国，距今已有近 4 000 年栽培史，是我国最古老的栽培树种之一，在全国范围内均有种植. 桃树经济价值极高，其果实作为最为常见的水果之一，味道鲜美、营养丰富；种子和枝条烘干制熟可入药，称为“桃仁”与“桃枝”[1]；另外，桃是园林景观设计中的重要树种，被广泛用于道缘、小区、公园、广场等各种公共场所的绿化之中[2].

桃树生长发育的各个时期均有可能受病害侵扰，其中真菌病害种类繁多，对桃树植株的各个部位均可造成危害，不同种类的病害在桃树上的主要为害部位不同. 其中以真菌性穿孔病、流胶病、褐腐病、炭疽病、疮痂病等最为常见. 真菌性穿孔病在我国南方桃园中发生较为严重，对桃树叶片造成相当严重的危害，并且寄主范围较广，除桃树外，李、杏、梅、樱等核果类果树同样也是其为害对象[3]；流胶病在长江以南的桃产区发病较为严重，发病率为 30%～40%[4]；桃褐腐病在我国 16 个省份均有发生[5]，山东、长江中下游地区受害较为严重[6]；桃炭疽病在南方湿润地区发病较为严重，北方地区的温室中也有发生[7]；桃疮痂病在辽宁、山东、江苏和四川地区发病严重[8].

我国是桃树种植大国，种植面积及产量均位居世界前列，但由于农业生产过程中对病害的预防与治理仍存在一定问题，使得桃的果品质量与其他发达国家相比还存在一定差距. 同时，由于近年来气候条件发生变化，温度的上升使得病菌对桃树的侵染更加活跃，病害的发生愈加严重. 果农由于对病害缺乏系统正确的认识，往往会错过最佳的防治时间或是进行错误的治理，这也就进一步影响了生产质量的发展. 因此本研究从重庆市北碚区桃园中采集患病桃树组织样本，采用真菌分离纯化技术分离病原菌，并使用柯赫氏法则回接健康植物样本进行致病性测定，以此明确果园中真菌病害致病菌种类，为后续的防治工作奠定坚实的理论基础，并作为田间防控的重要参考依据. 在确定病害的病原菌之后，还可以采取生物防治的方式，通过筛选特

定的生防菌来控制病害，减少化学农药的使用，从而进一步提高果品质量并减少环境污染.

1 材料与方法

1.1 植物材料

本试验所用植物材料均于 2023 年 8 月采自重庆市北碚区三圣镇三生三世桃园. 采集患病叶片、果实各 4 份装入封口袋中，作为真菌分离纯化材料，另外采集若干健康样品作为后续致病性测定材料.

1.2 培养材料

PDA 培养基：葡萄糖 20 g/L，琼脂粉 20 g/L，马铃薯 200 g/L. 把马铃薯削皮、清洗后切成边长为 1.5 cm 的小块，用电子天平称 200 g 小块并加入 1 000 mL 水中煮熟煮软(玻璃棒轻松扎入薯块即可)，将所得马铃薯汁液用纱布过滤，用 ddH_2O 定容至 1 L，并溶解 20 g 葡萄糖，得到马铃薯葡萄糖汁液，将制备好的汁液分装至若干已加入 5 g 琼脂的 250 mL 锥形瓶中，密封后放入高压灭菌锅内，于 121 ℃下灭菌 20 min.

1.3 真菌的分离与纯化

在实验室中进行分离纯化操作，于超净工作台内，在田间所采样品病组织的病健交接处，用经过消毒处理的剪刀和刀片剪取叶片切取果皮，所取组织块大小约 1 cm^2. 用 70%酒精润湿组织块表面 2～3 s，之后将组织块置于 5%次氯酸钠 5～8 min 进行表面消毒；无菌水洗涤3 次，每次 2 min，以洗去消毒液；最后用滤纸控干组织块表面多余水分，将组织块平放于 PDA 培养基表面，每个培养基放置 3 块处理后的病组织；培养基封口贴好标签后倒置于 25 ℃恒温培养箱中培养 3～5 d，利用接种针或接种环取边缘菌丝于新的 PDA 平板上进行真菌纯化.

1.4 真菌保存

多次纯化后的真菌，用打孔器打取带有菌丝的菌饼，将菌饼放置于 70%甘油冻存管中，将冻存管做好标记，并于－20 ℃低温冰箱中保存备用.

1.5 真菌 DNA 的提取与测序

提前准备好经高温灭菌的离心管和小钢珠，将小钢珠提前装入 2 mL 离心管中，用灭菌过的接种针，从 PDA 培养基上刮取若干菌丝于离心管中，使用高速振荡仪充分振荡破碎；向破碎后的样品中加入 700 μL CTAB，于 65 ℃恒温水浴锅水浴 40 min，每隔 10 min 将离心管颠倒混匀保证重复裂解；在通风橱内加 200 μL 三氯甲烷，4 ℃低温下高速离心机 12 000 rpm 离心 15 min. 吸取离心后的上清液于新的 1.5 mL 离心管中，于冰上低温操作加入等体积异丙醇和 20 μL 醋酸钠溶液，振荡混匀，－20 ℃放置至少 40 min. 低温离心机 4 ℃、12 000 rpm 离心 15 min，去除上清液后加入 70%乙醇 800 μL 用于洗涤沉淀，重复操作两次；再次 4 ℃、12 000 rpm 离心 2 min，用移液枪吸去乙醇，之后将离心管开盖并于超净工作台静置，让残余乙醇挥发最终得到干净沉淀，加入 65 ℃水浴锅预热过的 ddH_2O 溶解沉淀.

以所提取真菌 DNA 作为模板，进行多基因序列扩增，所采用的引物有主要有以下几种.

ITS 引物(引物序列 ITS1：5’-TCCGTAGGTGAACCTGCGG-3’，ITS4：5’-TCCTCCGCTTATTGATATGC-3’)；CAL 引物(引物序列 CL1C：5’-GAATTCAAGGAGGCCTTCTC，CL2C：5’-CTTCTGCATCATGAGCTGGAC)；GAPDH 引物(引物序列 GDF：5’-GCCGTCAACGACCCCTTCATTGA，GDR：5’-GGGTGGAGTCGTACTTGAGCATGT)；

TUB2 引物（引物序列 T1：5’-GGTAACCAAATCGGTGCTGCTTTC，T2：5’-ACCCTCAGTGTAGTGACCCTTGGC）.

PCR 检测体系（50 μL）为：2× Taq PCR Mastermix 25 μL，ITS 12.5 μL，ITS 42.5 μL，ddH_2O 18 μL，DNA 模板 2 μL. PCR 反应程序为：预变性 94 ℃ 5 min，变性 94 ℃ 30 s，退火 52 ℃ 40 s，延伸 72 ℃ 1 min、35 个循环，延伸 72 ℃ 10 min，保温 4 ℃.

将所得 PCR 产物通过凝胶电泳，并利用凝胶成像仪采集结果进行片段大小检测. 将荧光条带位于 500～750 bp 的 PCR 产物送至生工生物工程（上海）股份有限公司进行测序.

1.6　致病性测定

将分离所得的病原菌分离到新的 PDA 培养基上，于 28 ℃培养箱中倒置培养，待菌丝近乎长满整个 PDA 培养基后，于室内模拟条件下对健康桃叶和桃果进行离体接种. 首先用 ddH_2O 对健康桃叶与桃果表面进行简单清洗，晾干后采用针刺法刺伤其组织，针刺过程中注意力度以确保刺伤面积深度合适. 之后用打孔器从菌落的外延边缘处取直径约 5 mm 的病原菌菌饼，将菌饼的菌丝面朝下放置于针刺后的桃叶和桃果之上，将经过 ddH_2O 浸润的脱脂棉覆盖在菌饼上，每种菌株重复接种 3 次，同时设置 PDA 培养基接种作为空白对照组. 将接种好的桃叶桃果放入保鲜盒内，在保鲜盒底部平铺 2～3 层经高压蒸汽灭菌的纱布并做好保湿，后用保鲜膜将保鲜盒包裹，置于 28 ℃光照温室培养 7 d，第 2 d 去除菌饼，定期观察桃果桃叶发病情况. 出现症状后，取发病组织并采用组织分离法分离纯化病原菌，观察比较获得的病原菌是否与原始病原菌一致，确定其是否符合柯赫氏证病法则.

1.7　真菌的形态学鉴定

根据致病性测定结果，将病原真菌再次经过分离纯化后，取其菌丝于全新 PDA 培养基上，放入 28 ℃恒温箱倒置培养，待菌丝长满 PDA 培养基，观察记录其形态、大小、颜色等特征，并进行拍照观察.

1.8　系统发育树的构建

将所得致病真菌菌株 DNA 序列（ITS、CAL、GAPDH、TUB2）在 NCBI 进行序列比对检索，将检索出的具有高相似度的近缘 DNA 序列下载并通过 DNAMAN 进行比较分析；在 MEGA 11 中进行相关序列的系统发育树分析，使用最大似然法（Maximum Likelihood）演算最佳核酸替代模型来构建系统发育树，并通过重复 1 000 次的自展值来判断分支的可信度.

2　结果与分析

2.1　病害症状

根据调查，叶片穿孔和果实腐烂病是果园中发生最为普遍的症状，并且由于 2023 年降水量充沛，湿度的增加使得果园中病害发生的严重程度有所提高.

果园中患病的果树叶片大部分表现为穿孔症状，并且观察到患病叶片主要集中于果树下部荫蔽处，通风条件相对上部较差且湿度较高. 果树上部叶片几乎没有发病情况，部分发病严重叶片穿孔连接成片形成较大的缺刻或孔洞. 典型症状表现为：叶片表面出现多边形或近圆形褪绿病斑，从病斑中央开始，颜色逐渐变深至褐色，之后病斑部位焦枯变脆，而后因病斑脱落在叶面形成穿孔（图 1）.

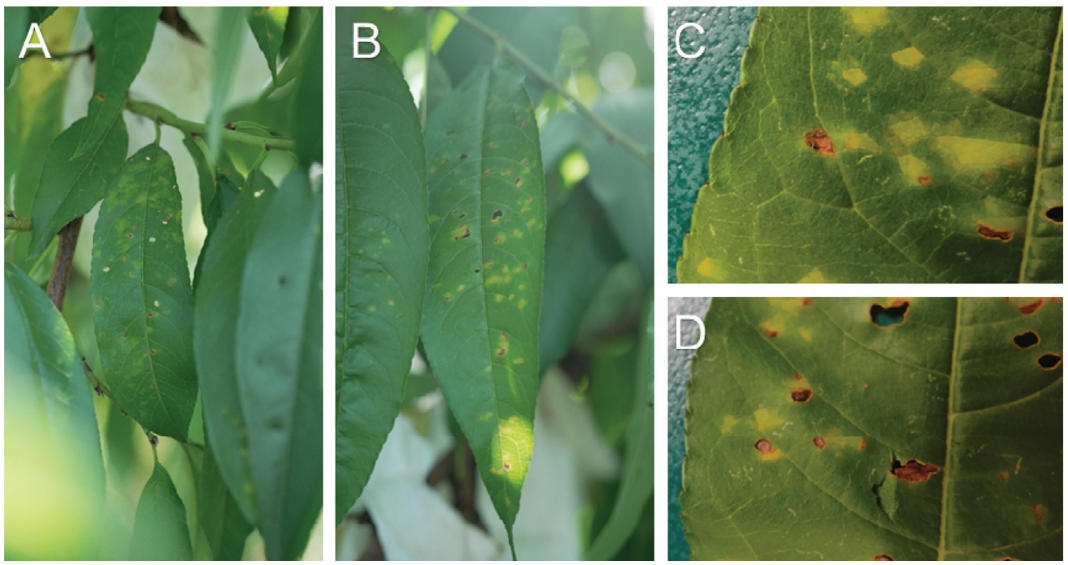


图 1 桃树叶片穿孔病症状

患病果树果实的发病情况则主要表现为果实腐烂，患病严重的还伴有灰白色绒球状霉层产生，且同样是果树下部较为荫蔽处的果实发病较为集中，而上部果实基本未出现发病状况. 典型症状表现为：部分发病较轻的果实，表面出现淡褐色的近圆形病斑，并伴随果皮龟裂，病斑周围果实逐渐变软腐烂. 发病严重的果实，病斑扩散并连接成片造成整颗果实的腐烂，并且在腐烂的果实表面由中心向周围产生灰白色霉层，霉层呈同心轮纹状排列(图 2).

图 2 桃树果实腐烂病症状

2.2 病原真菌分离纯化

通过对病原菌进行分离纯化，最终从 PDA 培养基上共获得了 10 种不同类型的真菌菌株. 提取真菌样品 DNA 并分别使用 ITS、CAL、GAPDH、TUB2 引物对其进行 PCR 序列扩增，4 种引物扩增后通过凝胶电泳分别得到 600 bp、750 bp、250 bp、500 bp 左右的目的片段(图 3).

利用 PCR 产物进行测序，将测序结果在 NCBI 中进行序列的比对与检索，所得结果显示，从病叶上分离得到 6 种不同种类菌株，分别用 L1～L6 表示，其中 L1 型菌株所得序列与棒孢属(*Corynespora* sp.)相似度最高，相似度达 99%；L2 型菌株所得序列与粘帚霉属(*Clonostachys* sp.)相似度最高，相似度为 97%～99%；L3 型菌株所得序列与梨孢属(*Apiospora* sp.)相似度最高，相似度为 96%；L4 型菌株所得序列与炭疽菌属(*Colletotrichum* sp.)序列相似度最高，相

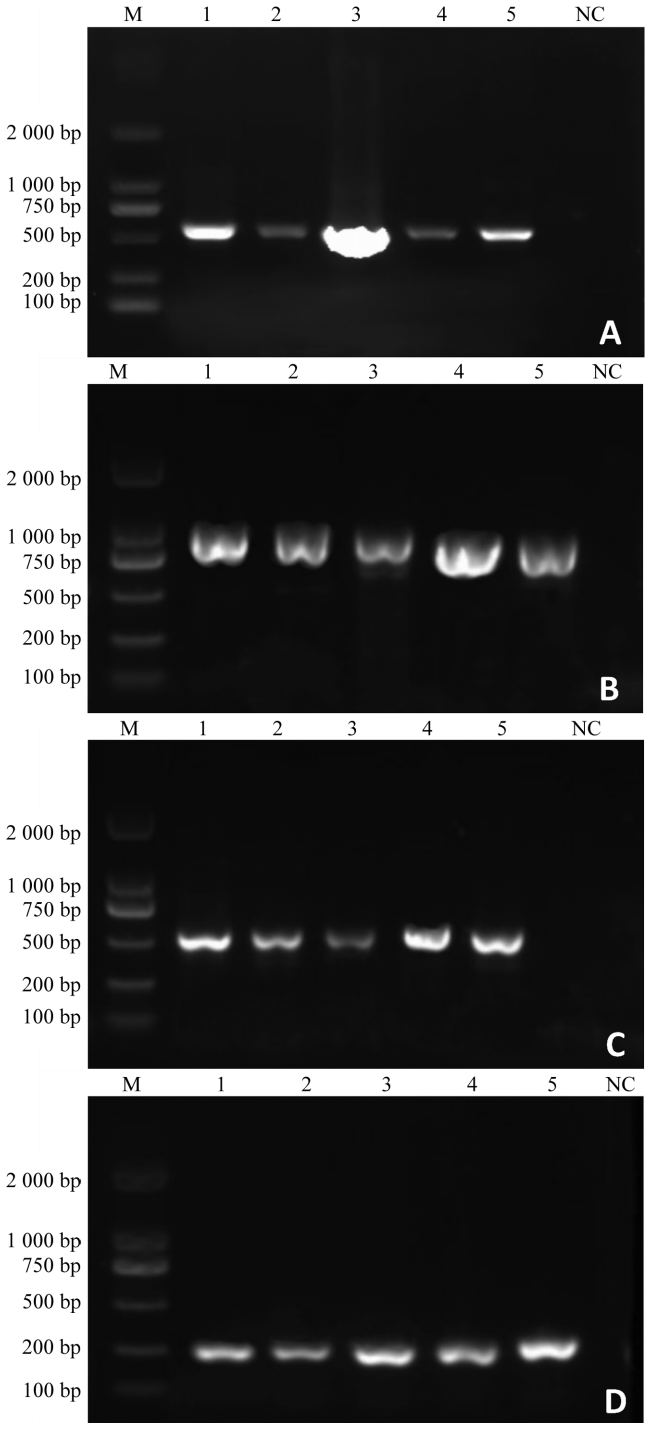
似度为 99%～100%；L5 型菌所得株序列与炭团菌属（*Fusarium* sp.）相似度最高，相似度为 95%～96%；L6 型菌株所得序列与黑孢属（*Nigrospora* sp.）相似度最高，相似度为 97%～99%.

病果上分离得到 4 种不同种类菌株，其中 F1 型菌株所得序列与拟盘多毛孢属（*Pestalotiopsis* sp.）相似度最高，相似度为 96%～98%；F2 型菌株所得序列与间座壳属（*Diaporthe* sp.）相似度最高，相似度为 97%～99%；F3 型菌株所得序列与交链孢霉属（*Alternaria* sp.）相似度最高，相似度为 98%～100%；F4 型菌株所得序列与链核盘菌属（*Monilinia* sp.）相似度最高，相似度为 100%.

2.3　真菌菌株致病性测定

将从桃树叶片上分离并培养所得的 6 种不同种类真菌，用打孔器取 5 mm 菌饼分别回接至带有微创口的健康桃叶上，观察到在 7 d 后，接种 L1、L2、L3、L5、L6 型真菌以及用 PDA 培养基作为空白对照的健康桃叶即使在进行了针刺接种后，伤口仍没有出现被侵染的现象，而接种 L4 型菌株的叶片在 7 d 后，叶面出现了不规则淡褐色病斑（图 4），并且经过再分离、形态学鉴定和 DNA 检测后确定为炭疽菌属（*Colletotrichum* sp.）真菌.

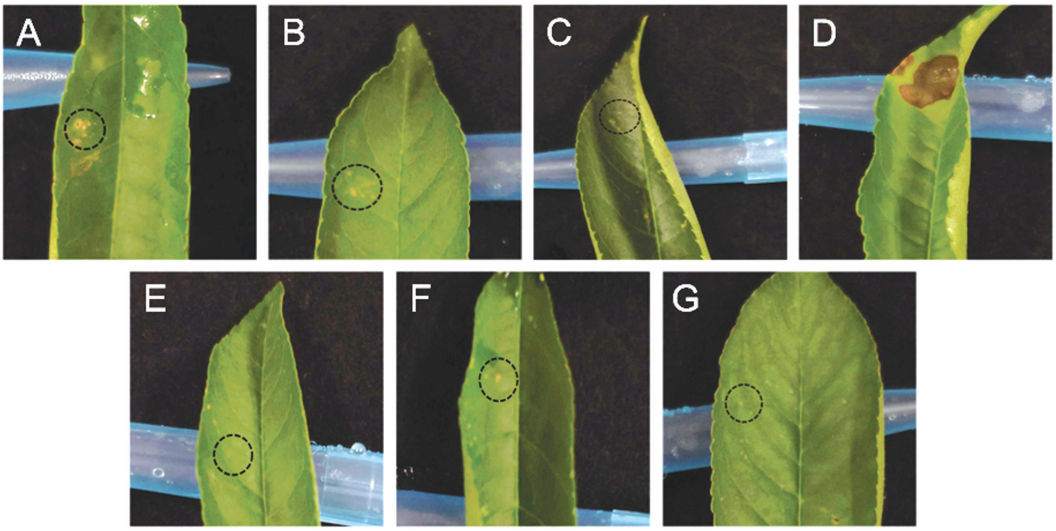
将从桃树果实上分离并培养所得的 4 种不同种类真菌，用打孔器取 5 mm 菌饼分别回接至带有微创口的健康桃子上. 7 d 后，接种 F1、F2、F3 型真菌以及用 PDA 培养基作为空白对照的健康桃果实在进行了针刺接种后，仅出现了小面积的变软或腐烂，且经过再分离后并没有分离出相同真菌菌株. 而接种 F4 型菌株的果实在7 d后，果实产生大面积的软腐，并且果实表面生出了白色霉层（图 5），经过再分离、形态学鉴定和 DNA 检测后确定为链核盘菌属（*Monilinia* sp.）真菌.



M：2 000 bp DNA marker；1～5：部分 PCR 扩增产物；NC：空白对照

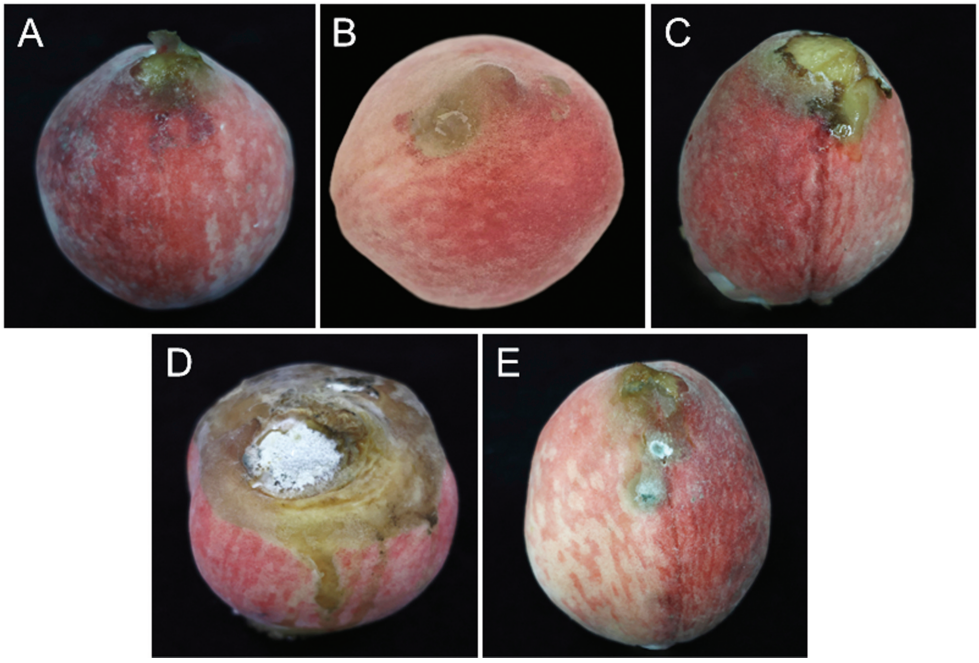
A：ITS 引物；B：CAL 引物；C：TUB2 引物；D：GAPDH 引物

图 3　部分真菌 DNA 序列扩增电泳结果



A ～ F：接种 *Corynespora* sp.，*Clonostachys* sp.，*Apiospora* sp.，*Colletotrichum* sp.，*Fusarium* sp.，*Nigrospora* sp. 叶片情况；G：接种 PDA 空白对照叶片情况

图 4 真菌菌株对离体叶片的致病性测定



A ～ D：接种 *Pestalotiopsis* sp.，*Diaporthe* sp.，*Alternaria* sp.，*Monilinia* sp.果实情况；E：接种 PDA 空白对照果实情况

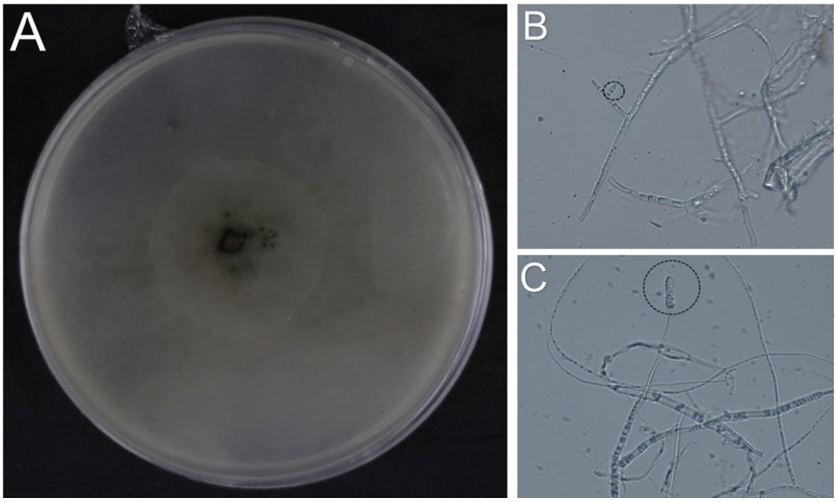
图 5 真菌菌株对离体果实的致病性测定结果

2.4 病原真菌生物学特性鉴定

根据致病性测定结果，选取使桃树叶片发病的炭疽菌属真菌 L4 在 PDA 培养基上进行培养观察，可以观察到菌株 L4 在培养 7 d 后菌落呈近圆形，有少量呈丝状菌丝生长于培养基表面，颜色呈白色，新生菌丝较少且在后期培养基中部出现了少量的黑色真菌孢子团. 在显微镜下观察到病原菌菌丝有分枝，无隔膜；分生孢子两端呈钝圆形，整体呈柱状，无色(图 6).

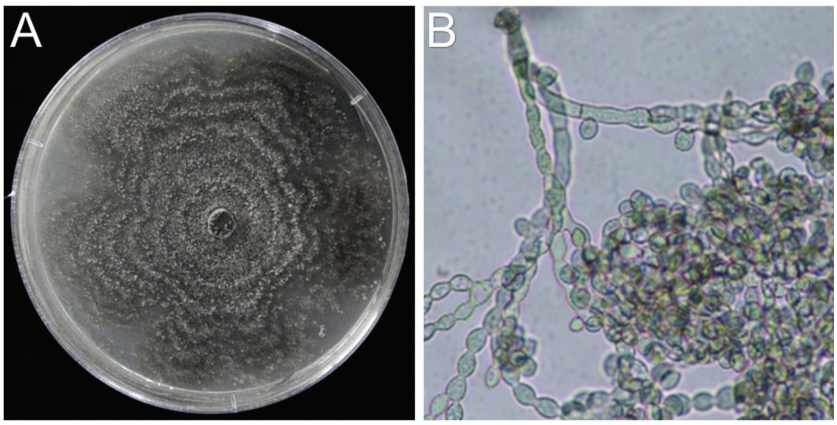
根据致病性测定结果，选取使桃树果实发病的链核盘菌属真菌 L4 在 PDA 培养基上进行培养观察，可以观察到菌株 F4 在培养 7 d 后菌落整体呈近圆形，菌落边缘不连续并且由于分生孢

子的产生呈现出同心圆环状，菌落生长初期颜色呈灰白色，后期菌落颜色逐渐变深呈灰褐色. 在显微镜下观察到病原菌菌丝有分枝，内含隔膜；分子孢子串生，单孢子，孢子呈椭圆形，无色（图 7）.



A：致病菌株 L4 在 PDA 培养基上的菌落形态；B、C：致病菌株 L4 在显微镜下菌丝及孢子形态

图 6　叶片致病菌株 L4 培养性状及形态特征



A：致病菌株 F4 在 PDA 培养基上的菌落形态；B：致病菌株 F4 在显微镜下菌丝及孢子形态

图 7　果实致病菌株 F4 培养性状及形态特征

2.5　致病菌系统发育树构建

经过致病性测定以及再分离，并对再分离的病原菌进行生物学特性鉴定后，将病原菌基因组中的 ITS、CAL、TUB2、GAPDH 序列在 NCBI 数据库中进行 BLAST 比对，确认了能够导致桃树叶片与果树发病的真菌分别为 *Colletotrichum* sp.与 *Monilinia* sp. ，在此基础上进一步利用 MEGA 11 软件、最大似然法，通过演算得出的最优替代模型为“GTR＋G＋I”模型，以此构建系统发育树. 结果显示，导致健康桃叶发病的 L4 型菌株在系统发育树中与 OP466830.1：1-581 *Colletotrichum gloeosporioides* isolate PRSM01 等处于同一分支中，结合其生物学特性，最终可将其确定为胶孢炭疽菌（*Colletotrichum gloeosporioides*）（图 8）；而导致健康桃果发病的 F4 型菌株在系统发育树中与 HQ908770.1：12-1529 *Monilinia fructicola* isolate YM09-1b 处于同一分

支中，结合其生物学特性，最终可将其确定为美澳型核果链核盘菌(*Monilinia fructicola*)(图 9).

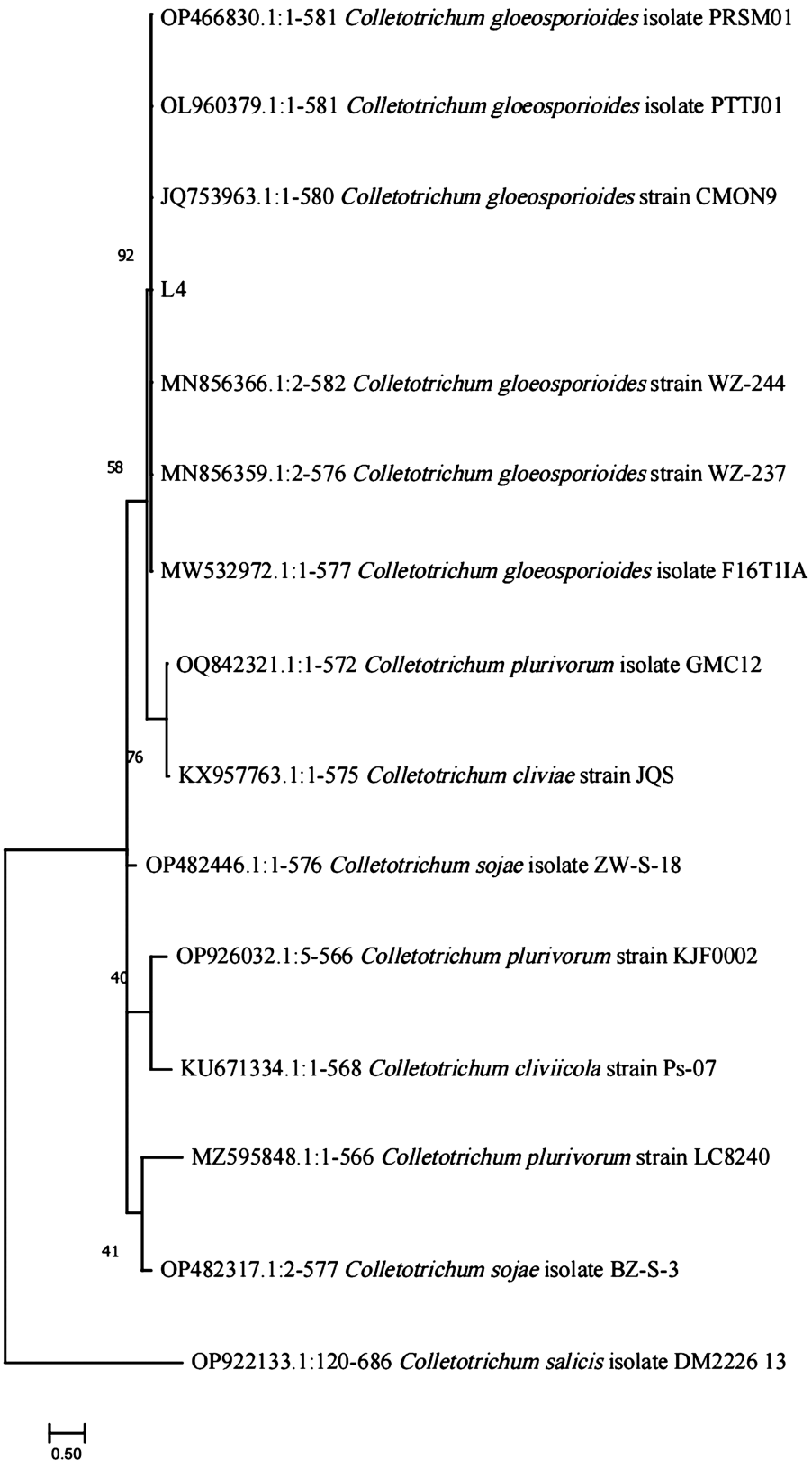


图 8 桃树叶片穿孔病致病菌株的系统发育树

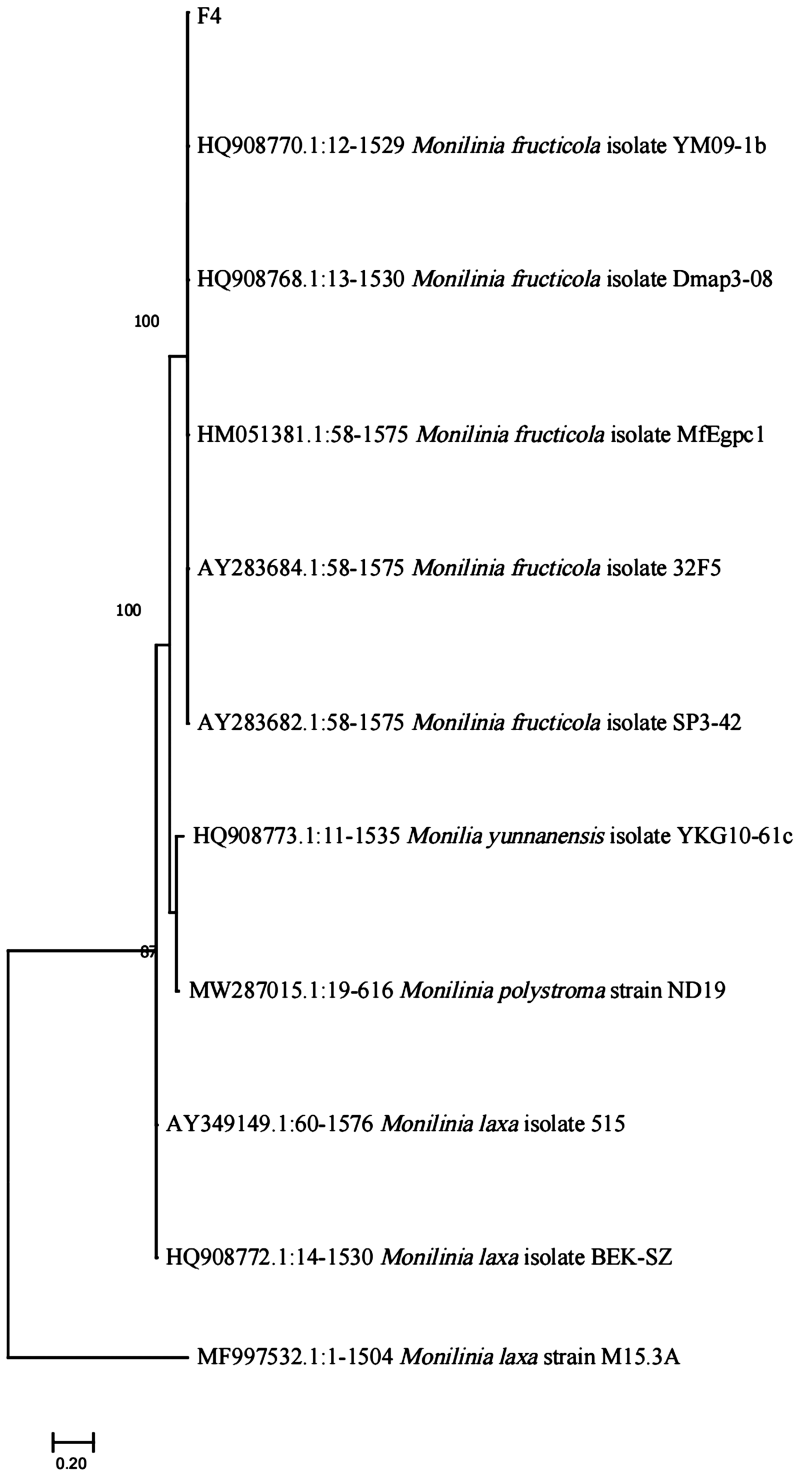


图 9　桃树果实腐烂病致病菌株的系统发育树

3　结论与讨论

重庆市北碚区桃树病害主要以叶片穿孔病和果实腐烂病较为严重，叶片受害症状表现为表面产生不规则穿孔；果实受害症状表现为果实部分或整果腐烂，并且腐烂部位有霉层产生. 通过对果园中桃树两种真菌病害进行了病原菌分离以及纯化培养，依据病原菌菌株的生物学特

征，并利用柯赫氏法则进行了致病性测定，再对真菌多基因序列构建系统发育树进行分析，最终确定了引起果园中桃树叶片穿孔病与果实腐烂病的主要病原菌分别为胶孢炭疽菌(*Colletotrichum gloeosporioides*)和美澳型核果链核盘菌(*Monilinia fructicola*)，这为探究重庆市桃树病害真菌的田间防控提供了依据.

病原真菌寄主范围广泛，具有丰富的遗传多样性，其形态特征、致病力和近似种等之间差异微小，因此在不同的产区内，导致相同病害症状的病原菌可能存在差异. 本研究通过对重庆市北碚区桃树患病叶片进行病原菌分离鉴定，发现胶孢炭疽菌是重庆市桃树叶片穿孔病的致病菌，这与解孝水[8]通过对山东临沂县的患病桃树进行调查并进行病原鉴定发现胶孢炭疽菌能够侵染叶片，并且在后期病组织会干枯脱落，进而造成叶片穿孔这一结论一致. 而王剑荣等[9]通过对浙江省金华与义乌两市的患病样品进行鉴定，发现浙江省桃树叶片穿孔的致病菌为嗜果刀孢霉(*Clasterosporium carpophilum*)；王召元等[10]则发现核果假尾孢菌(*Pseudocercospora circumscissa*)可以导致桃树叶片穿孔病的发生. 同时，本研究发现导致重庆市北碚区桃树果实腐烂病的致病菌为美澳型核果链核盘菌，这与李志伟等[11]通过采集烟台、威海、临沂等患病样品并进行分离鉴定发现美澳型核果链核盘菌是引发山东省桃果实腐烂病的主要致病菌的结论保持一致. 然而邢红亮等[12]通过对南疆桃园中患病样本进行分离鉴定，发现桃幹枯蕉孢菌（*C. leucostma* Sace.）能够引发桃果实腐烂病；刘君盈等[13]通过采集河北省深州市蜜桃园中患病样品并进行分离，则发现暹罗炭疽菌(*Colletotrichum siamense*)同样也是引发深州桃树果实腐烂病的病原菌.

相较于叶片病害，桃果实病害对生产造成的危害更为严重也更为直接，特别是在 7、8 月桃的主要采收阶段，由于高温高湿的环境导致真菌繁殖、传播与侵染都极为旺盛，这便容易导致果园中桃子大面积受害腐烂. 与此同时，因为桃子果实软表皮薄，在运输过程中也极易因机械损伤而造成真菌的侵染进而导致果实腐烂[14-15]，因此减少桃树果实腐烂病的发生也成为当前生产中的重点. 目前所采用的防治措施主要以化学防治为主，有研究表明目前针对桃果实腐烂病防治效果较好的药剂有申嗪霉素、腈苯唑、苯醚甲环唑、苯甲·嘧菌酯等[16-17]. 然而长期用药导致的病原菌产生抗性，以及对环境造成污染的问题也逐渐显现，因此安全、高效、无残留的生物防治逐渐成为研究的热点，针对桃果实腐烂病目前已有报道从高产桃园土壤中分离、筛选具有防治作用的细菌菌株，对不同病原菌引起的桃褐腐病均具有良好的抑制效果，如袁雪等[18]筛选到特基拉芽孢杆菌（*Bacillus tequilensis*)对桃褐腐病病原菌的抑菌率为 74.48%；侯亚倩[19]等筛选到对美澳型核果链核盘菌最优的拮抗酵母——异常威克汉姆酵母(*Wickerhamomyces anomalus*)，其对美澳型核果链核盘菌的菌丝抑制率达 78.31%，可以诱导桃果内抗氧化酶活性的增高，显著抑制桃褐腐病. 这两种生防菌在田间的防效都具有深入研究的价值.

本研究仅对重庆市北碚区桃树病害进行了病原菌分离鉴定，而重庆其他桃产区的病害严重程度、种类以及病原菌类型仍有待更加全面地考察与研究. 为了更好地防治当地桃树叶片穿孔病和果实腐烂病，并保证桃产业的健康发展，亟待对导致两种病害的病原菌进行更加深入且细致的研究，进一步了解两种致病菌的生物学特性，以便于更好地对病害的发生进行预测，进而对病害进行有效防治.

参考文献：

[1] 蔡少杭，章骏德. 漳州常用中草药图典 [M]. 福州：福建科学技术出版社，2020.

[2] 张宏志. 赤峰城市风景园林植物资源：献给北方地区城市生态环境的书 [M]. 赤峰：内蒙古科学技术出版社，2020.

[3] AHMADPOUR A，GHOSTA Y，JAVAN-NIKKHAH M，et al. Isolation and Pathogenicity Tests of Iranian Cultures of the Shot Hole Pathogen of Prunus Species，Wilsonomyces Carpophilus [J]. Australasian Plant Disease Notes，2009，4(1)：133-134.

[4] 罗江会，漆巨容，张镜，等. 重庆地区桃流胶病原菌研究 [J]. 西南农业大学学报(自然科学版)，2005，27(1)：50-54.

[5] 李世访，陈策. 桃褐腐病的发生和防治 [J]. 植物保护，2009，35(2)：134-139.

[6] 孙宝海. 桃褐腐病的发生及防治 [J]. 中国林副特产，2006(5)：63.

[7] 谷大军，邢维杰，才丰，等. 薄膜温室桃炭疽病的发生与防治 [J]. 北方果树，2006(3)：35-36.

[8] 解孝水. 山东省沂水县桃炭疽病的发生特点与绿色防控技术探讨 [J]. 果农之友，2022(11)：66-67，74.

[9] 王剑荣，冯正军. 李(桃)霉斑穿孔病发生规律及防治技术 [J]. 浙江柑桔，2006，23(1)：41-42.

[10] 王召元，李永红，常瑞丰，等. 桃穿孔病的发生规律与综合防治措施 [J]. 河北果树，2018(6)：29-30.

[11] 李志伟，汪少丽，刘保友，等. 山东桃褐腐病病原菌种群鉴定及致病性分析 [J]. 果树学报，2023，40(2)：327-339.

[12] 邢红亮，张王斌，温善菊，等. 新疆南疆桃树腐烂病菌生物学特性研究 [J]. 新疆农业科学，2015，52(12)：2286-2293.

[13] 刘君盈，孙新康，崔钟池，等. 深州蜜桃果实腐烂病病原菌鉴定及拮抗菌株的筛选 [J]. 河北农业大学学报，2023，46(6)：40-45，65.

[14] 陶春柳，刘影，李建龙. 我国水蜜桃保鲜与贮藏冷链物流建设现状、问题及其展望 [J]. 江苏农业科学，2019，47(23)：62-67.

[15] 肖烟云，张婷婷，林丽莎，等. 中国桃果实采后生理和病害研究进展 [J]. 包装与食品机械，2014，32(3)：45-51.

[16] 程婷，任节红，黄拥政，等. 不同药剂对桃褐腐病防治效果研究 [J]. 上海农业科技，2023(4)：135-136.

[17] 潘斌，盛桂林，王开峰，等. 4 种药剂防治桃褐腐病的田间药效试验 [J]. 农药科学与管理，2023，44(5)：52-55.

[18] 袁雪，侯旭，胡晓，等. 桃褐腐病拮抗细菌的筛选、鉴定及生防作用 [J]. 北京农学院学报，2018，33(4)：7-13.

[19] 侯亚倩，张晓红，张澍，等. 桃褐腐病拮抗酵母菌的筛选及防治机理 [J/OL]. 微生物学通报，(2024-05-28) [2024-06-01]. https：//ntlib.org.cn/asset/detail/0/2031279835413.

责任编辑　王新娟