

海南杧果细菌性坏死病病原菌鉴定

杨一丹^{1#}, 郑慧盈¹, 王快快¹, 吴薇^{1,2}, 缪卫国², 林春花^{1,2*}

(1. 海南大学 三亚南繁研究院, 海南 三亚 572025 中国; 2. 海南大学 热带农林学院/热带农林生物灾害绿色防控教育部重点实验室, 海南 儋州 571737 中国)

摘要: 杧果作为中国重要的热带水果, 在海南农业经济中占据关键地位。近年来, 海南杧果产业因细菌性病害而受到严重危害。2025 年 4—5 月, 对海南省昌江、东方、乐东及三亚等主要杧果产区开展了细菌性病害的调查和病样采集。结果显示, 除已知的细菌性黑斑病外, 还存在细菌性坏死病的危害。通过对分离菌株进行形态学观察、生理生化测定、基于 *16S rRNA*、*fusA*、*leuS*、*pyrG*、*rplB* 和 *rpoB* 基因的多位点系统发育分析, 并结合科赫氏法则进行致病性验证, 在 10 个分离菌株中有 5 株被鉴定为分散泛菌(*Pantoea dispersa*), 确认为引起杧果细菌性坏死病病原菌。该病害在海南杧果上属首次报道, 这对当地杧果产业的病害科学防控提供了重要依据。

关键词: 海南省; 杧果细菌性坏死病; 泛菌属; 科赫氏法则

中图分类号: S436.67 **文献标志码:** A **文章编号:** 1674–7054(2026)04–0709–07

杨一丹, 郑慧盈, 王快快, 等. 海南杧果细菌性坏死病病原菌鉴定[J]. 热带生物学报(中英文), 2026,

17(4): 709–715. DOI: 10.15886/j.cnki.rdswwb.20250163 CSTR: 32425.14.j.cnki.rdswwb.20250163



杧果(*Mangifera indica* L.)作为全球广泛栽培的重要热带水果, 种植范围遍及全球 100 多个国家和地区, 产业规模在热带水果中位居第二。中国是全球主要杧果生产国之一, 兼具丰富的栽培品种与广泛的种植区域分布^[1]。海南是中国杧果的重要产区, 主要分布于三亚、乐东、陵水、东方、昌江等地区^[2]。然而, 海南杧果生产正面临着严重的病虫害问题, 其中危害最为突出的包括炭疽病和细菌性黑斑病(又称杧果细菌性角斑病)、蓟马、介壳虫、叶瘿蚊和果实蝇等。

在各类病害中, 杧果细菌性病害受种植结构调整与气候变迁的双重影响, 发生种类日趋多样, 危害程度不断加剧, 显著降低杧果的产量与果实品质, 进而威胁整个产业的可持续发展。其中, 由柑橘黄单胞菌杧果致病变种(*Xanthomonas citri* pv. *mangiferaeindicae*)引起的细菌性黑斑病尤为突出, 作为全球各产区的常见病害, 是危害杧果的主要细菌性病害之一^[3–4]。在西班牙、印度等地发生的由丁香假单胞菌(*Pseudomonas syringae* pv. *syringae*)引起的杧果细菌性顶端坏死病^[5]; 在中国, 海南、广

西等地发生的由树生黄单胞菌(*X. arboicola*)引起的杧果叶斑病^[6], 广东地区发生的由血红鞘氨醇单胞菌(*Sphingomonas sanguinis*)引起的杧果细菌性干枯病^[7–8], 以及广西报道的由泛菌属多个种(*Pantoea ananatis*、*P. agglomerans*、*P. vagans*)引起的杧果细菌性坏死病^[9–11]。在海南, 此前仅有细菌性黑斑病和杧果叶斑病的发生报道^[6,12]。然而, 本团队近期在海南三亚地区首次发现并报道了由方中达迪克氏菌(*Dickeya fangzhongdai*)引起的杧果细菌性回枯病, 该病害在海南局部果园造成严重危害, 导致植株出现大量叶斑、叶枯和枝枯症状, 甚至全株自上而下回枯^[13], 表明海南杧果田间细菌病害发生可能出现了新的演变动态, 亟需开展深入的调查研究。

本研究于 2025 年 4—5 月, 在海南省昌江、东方、乐东及三亚等杧果主产区开展细菌性病害的田间调查, 发现一种叶部及果实症状与广西报道的细菌性坏死病相近的病害。为明确致病病原, 本研究选取典型病样进行病原菌分离纯化, 结合菌落形态观察、生理生化测定、致病性验证及多基因位点系统发育分析技术, 完成对目标菌株的

鉴定。此项工作旨在明确海南地区该病害的病原种类,从而为后续开展针对性的监测与绿色防控提供理论支撑。

1 材料与方法

1.1 病害调查及病样采集 2025 年 4—5 月,于海南芒果主产区昌江、东方、乐东及三亚开展细菌性病害调查与病样采集工作。

1.2 病原菌的分离和纯化 采用组织分离与梯度稀释法进行病原菌分离。具体步骤如下:选取叶片或果实的病健交界部位,切取 5 mm × 5 mm 组织块,经体积分数 70% 的乙醇表面消毒 1 min、无菌水漂洗 3 次以去除残留乙醇;将处理后的组织块移入无菌研钵,添加适量石英砂与 1 mL 灭菌水,充分研磨混匀制备组织匀浆。取 100 μL 匀浆液与 900 μL 灭菌水混合,构建梯度稀释体系(1、10⁻²、10⁻⁴、10⁻⁶、10⁻⁸)。取各稀释梯度菌液进行 LB 琼脂平板划线处理,置于 28℃ 恒温培养箱培养;待菌落形成后,通过多轮纯化筛选获得形态一

致的纯单菌落,挑取后编号并置于-80℃ 超低温冰箱保存,以备后续实验使用。

1.3 病原鉴定

1.3.1 菌株的分子生物学鉴定 供试分离菌株接种于 LB 液体培养基过夜培养后,采用南京诺唯赞生物科技股份有限公司试剂盒提取基因组 DNA;以细菌 16S rRNA 通用引物 27F/1492R 对其基因组 DNA 进行 PCR 扩增,反应体系设置如下:模板 2.0 μL、PCRMix 24.0 μL、27F 2.0 μL、1492R 2.0 μL、ddH₂O 补足至总体积 50.0 μL。PCR 反应程序为:95℃ 预变性 5 min;随后进行 35 个循环,包括 95℃ 变性 30 s;58℃ 退火 30 s;72℃ 延伸 30 s;循环结束后 72℃ 延伸 10 min。包括延伸因子 EF-G 基因(*fusA*)、亮氨酸 tRNA 合成酶基因(*leuS*)、CTP 合成酶基因(*pyrG*)、脂蛋白基因(*rplB*)以及 RNA 聚合酶 β 亚基基因(*rpoB*)。为实现菌株的精准种水平鉴定,选取泛菌属多位点序列分析(MLSA)常用的 5 个看家基因片段。关于各基因扩增引物的序列,请参见表 1。

表 1 用于泛菌(*Pantoea* spp.)分子鉴定的引物

Tab. 1 The primers for amplification of fragments from *Pantoea* spp.

基因 Gene	引物名称 Primer Name	引物序列(5'—3') Primer Sequence (5'—3')	参考文献 Reference
16S rRNA	27F	AGAGTTTGTATCMTGGCTCAG	文献[14]
	1492R	TACGGYTACCTTGTACGACTT	
<i>fusA</i>	<i>fusA-F</i>	CACCGGTGTGAACCACAAAA	文献[15]
	<i>fusA-R</i>	TAGCCTTTCGGATTTGAGCC	
<i>rplB</i>	<i>rplB-F</i>	TTAACCCTGAGCTGCACAAGG	文献[15]
	<i>rplB-R</i>	GCGGCGTACGATGAATTTATC	
<i>rpoB</i>	<i>rpoB-F</i>	GTTTCATGGACCAGAACCAACCC	文献[16]
	<i>rpoB-R</i>	GGTGTATTTGGTCAGGTTGTAG	
<i>leuS</i>	<i>leuS-F</i>	CAGACCGTGCTGGCCAACGARCARGT	文献[17]
	<i>leuS-R</i>	CGGCGCGCCCCARTARCGCT	
<i>pyrG</i>	<i>pyrG-F</i>	GGGGTCGTATCCTCTCTGGGTAAAGG	文献[17]
	<i>pyrG-R</i>	GGAACGGCAGGGATTTCGATATCNCKKA	

PCR 扩增产物经质量分数 1% 的琼脂糖凝胶电泳检测条带后,送擎科生物工程股份有限公司测序。获得的序列结果提交至 NCBI 数据库进行相似性比对,确定无误后用于多位点联合系统发育分析。从 GenBank 中下载相关参考菌株的 16S rRNA、*fusA*、*leuS*、*pyrG*、*rplB* 和 *rpoB* 基因序列,

用 MEGA v12 软件进行多重复序列比对与校正,采用最大似然法构建系统发育树,明确供试菌株的分类地位。

1.3.2 形态与生理生化特性鉴定 供试分离菌株接种于 LB 固体培养基,置于 28℃ 恒温培养箱培养 24 h,随后系统观察菌落大小、色泽、表缘性状

及透明度等形态学指标;同步进行革兰氏染色^[18]与生理生化特性分析,具体包括明胶液化试验、代谢类型判定,同时测定D-葡萄糖、蔗糖、棉子糖及D-山梨醇的碳源利用能力,各项检测方法均参照《植物病原细菌鉴定实验指导》(第3版)操作规范执行^[19]。

1.4 菌株的致病性测定 供试分离菌株接种于LB液体培养基,于28℃恒温振荡培养过夜;收集菌体后用无菌水调整菌液浓度至 $OD_{600}=1.0$,制备成接种体备用。在叶片接种试验中,采用活体无伤喷雾法,选取‘金煌’杧果健康新梢作为接种材料,各处理组均匀喷施5 mL菌液,以等体积LB液体培养基喷施处理作为空白对照。接种后套袋保湿24 h,随后拆袋继续培养2~3 d。果实接种采用离体无伤点滴法:选取健康果实经无菌水漂洗3次并自然晾干后,用移液枪在果面滴加10 μ L菌液,同时设等量LB培养基滴加处理为对照,后续将果实置于28℃保湿环境培养3~5 d。以上接种试验均设3次生物学重复,接种后定期观察并记录发病情况;对呈现典型病害症状的病组织进行病原菌再分离、纯化及鉴定工作,以此完成科赫氏法则的验证流程。

2 结果和分析

2.1 病害调查与危害症状 2025年4月至5月,在海南昌江、东方、乐东及三亚等主要杧果产区发现除杧果细菌性黑斑病外,在多个杧果园的叶片和果实上还发现一种疑似杧果细菌性坏死病的病害。发病初期,叶片以水渍状斑点为中心,向四周扩散,形成多边形或不规则形状的病斑,周边常有明显的黄色晕影(图1-A—B)。本病害与细菌性黑斑病存在显著差异:前者病斑多受叶脉限制呈多角形病斑,而本病害在叶片主要表现为小型病

斑。果实的症状与细菌性黑斑病相似,最初出现棕色斑点,随着病害的发展,病斑上出现黑色斑点,严重时会出现溃烂、裂开,汁液流出(图1-C—D)。

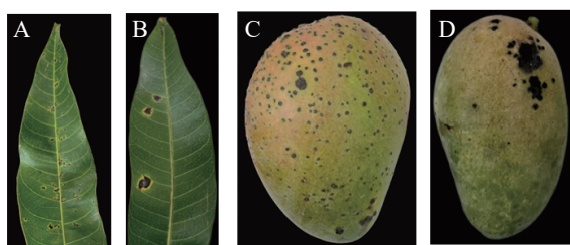
2.2 病原菌分离与菌株的形态、生理生化特性

本研究从田间采集10份疑似细菌病害样本,经表面消毒、组织研磨及梯度稀释分离,共分离获得10株细菌分离物。采用细菌通用引物27F/1492R对目标分离物开展16S rRNA基因序列扩增(扩增片段长度约1500 bp),扩增产物经测序后,在NCBI数据库中完成BLAST同源性比对分析。结果显示其中5株属于黄单胞菌属(*Xanthomonas* sp.),推测为杧果细菌性黑斑病的病原菌;其余5株为泛菌属(*Pantoea* sp.),这些菌株分别分离自昌江(2株)、东方(1株)、乐东(1株)及三亚(1株),推测与杧果细菌性坏死病存在关联。

进一步对5株泛菌属菌株进行形态观察和生理生化特性鉴定,结果显示:在LB培养基上,菌落形态呈圆形、隆起,表面光滑湿润,培养初期为黄白色,培养3 d后逐渐转为淡黄色(图2)。经革兰氏染色后油镜观察,菌株菌体呈粉红色,判定为革兰氏阴性菌(图3)。生理生化测定结果表明,所有菌株均能利用葡萄糖和蔗糖,而不能利用山梨醇和棉子糖,明胶液化试验结果为阴性(表2)。上述菌落形态与生理生化特征与泛菌属的典型特性相符^[17]。

2.3 菌株的分子生物学鉴定 为了进一步将各菌株鉴定到种水平,在获得16S rRNA序列基础上,本研究进一步对各菌株分别扩增了*fusA*(约633 bp)、*leuS*(约642 bp)、*pyrG*(约306 bp)、*rplB*(约333 bp)和*rpoB*(约501 bp)5个基因片段,并进行BLAST同源性比对。利用MEGA 12软件,基于上述6个基因片段的串联序列,采用最大似然法(maximum likelihood, ML)构建系统发育树。系统发育分析显示(图4),在以*Xanthomonas citri* pv. *mangiferaeindicae*为外群的情况下,5个供试菌株均与分散泛菌(*Pantoea dispersa* Gavini)聚于同一高支持率分支(支持率100%),据此将其鉴定为分散泛菌。

2.4 致病性测定 为验证分离得到的5株分散泛菌的致病性,依据科赫氏法则对其进行了致病力测定。叶片接种3 d后,接种点初期呈现针尖状褐色小点,其症状与田间自然发病情况相符(图5-A)。



A、B. 芒果叶片的田间症状; C、D. 芒果果实的田间症状
A, B. Field symptoms on mango leaves; C, D. Field symptoms on mango fruits.

图1 杧果细菌性坏死病的田间症状

Fig. 1 Field symptoms of mango bacterial necrosis

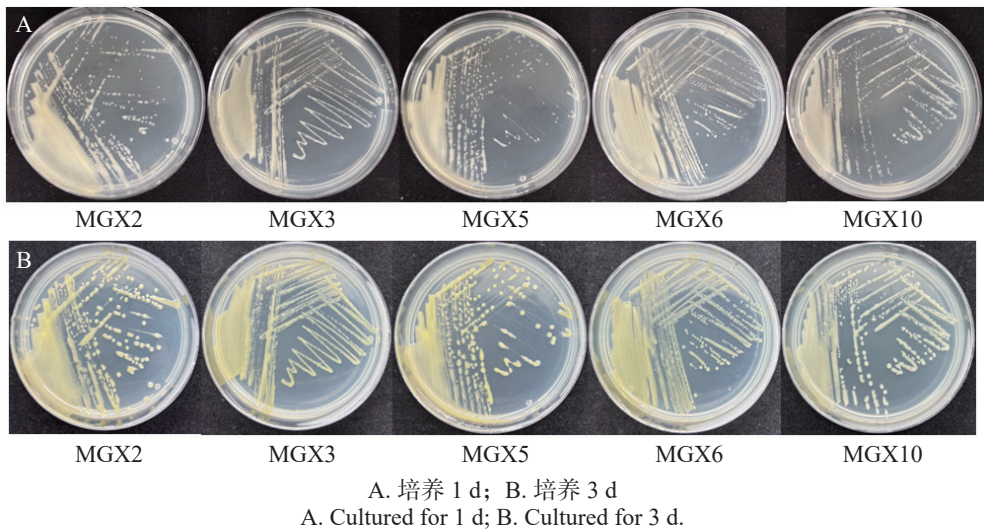


图 2 杧果细菌性坏死病分离菌株的菌落形态

Fig. 2 Colony morphology of isolates from mango with bacterial necrosis

注: MGX2、MGX3、MGX5、MGX6、MGX10 为供试菌株。下同。

Note: MGX2, MGX3, MGX5, MGX6, and MGX10 were the bacterial strains tested in this study. Similarly hereinafter.

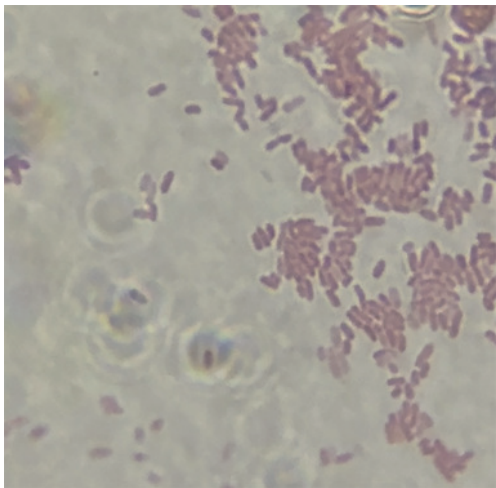


图 3 泛菌属代表菌株 MGX3 革兰氏染色结果图

Fig. 3 Gram staining result of the representative *Pantoea* strain MGX3

表 2 泛菌属菌株的生理生化特征

特性 Characteristic	MGX2	MGX3	MGX5	MGX6	MGX10
革兰氏染色 Gram stain	—	—	—	—	—
明胶液化 Gelatin liquefaction	—	—	—	—	—
葡萄糖 Glucose	+	+	+	+	+
蔗糖 Sucrose	+	+	+	+	+
山梨醇 Sorbitol	—	—	—	—	—
棉子糖 Raffinose	—	—	—	—	—

注: “+”, 阳性; “—”, 阴性。

Note: “+”, positive reaction; “—”, negative reaction.

采用离体点滴接种法对‘金煌’杧果果实进行接种, 10 d 后接种部位形成褐色病斑, 病斑形态亦与田间观测到的症状相似(图 5-B)。对照组叶片与果实均未出现任何病斑。随后, 从发病的叶片和果实组织中进行病原菌再分离, 经纯化培养及分子鉴定, 确认所得菌株与原始接种菌株为同一物种, 满足科赫氏法则的验证要求, 从而进一步证实分散泛菌是该病害的病原菌。

3 讨论

本研究通过对海南昌江、东方、乐东及三亚 4 个杧果主产区细菌性病害的系统调查, 整合病原菌形态学观察、生理生化特性分析、分子生物学鉴定及致病性测定的多维度数据。首次在海南省明确由分散泛菌引起的杧果细菌性坏死病, 该病害在果实上的危害症状和杧果细菌性黑斑病较为相似, 易造成误判。此外, 本调查初步显示该细菌性坏死病在海南分布较为广泛, 所有调查市县均有发生, 分离率高达 50%(5/10), 值得在生产环节引起重视。

肠杆菌科成员泛菌属(*Pantoea*)为革兰氏阴性细菌, 其菌株广泛分布于水体、土壤及多种动植物宿主环境中。截至目前, 该属已鉴定出 25 个种以上及 2 个亚种^[20], 多个物种可作为植物病原菌侵染寄主, 引发结瘤、萎蔫、软腐、坏死等典型症状。例如: 成团泛菌(*P. agglomerans*)可引起玉米和高

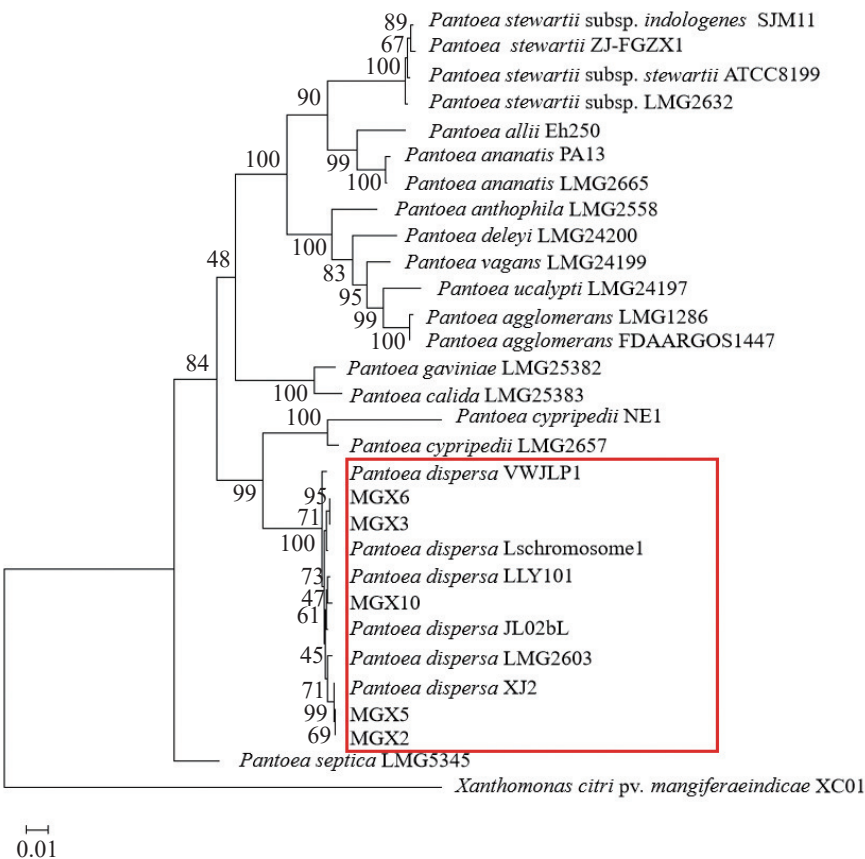
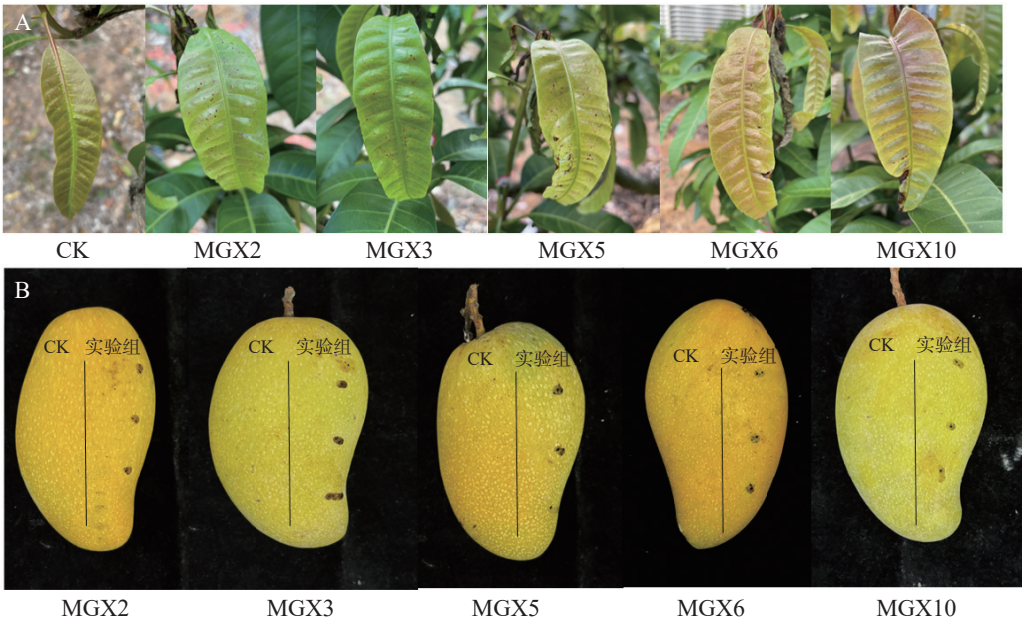


图 4 基于 16S rRNA-fusA-leuS-pyrG-rplB-rpoB 串联基因序列的最大似然法系统发育树

Fig. 4 Phylogenetic tree based on the concatenated sequences of 16S rRNA, fusA, leuS, pyrG, rplB, and rpoB genes using the maximum likelihood method

注: 红色方框为分散泛菌(*Pantoea dispersa*)。

Note: The red box highlights the *Pantoea dispersa* clade.



A. 芒果叶片喷洒菌液后 3 d 症状; B. 芒果果实点滴菌液后 10 d 症状

A. Symptoms on mango leaves at 3 days after spray inoculation; B. Symptoms on mango fruits at 10 days after point inoculation.

图 5 杧果叶片和果实接种病原菌后的症状

Fig. 5 Symptoms of mango leaves and fruits after pathogen inoculation

梁的叶枯病和维管束枯萎病^[21-22], 而菠萝泛菌(*P. ananatis*)和分散泛菌可引起水稻叶枯病^[23]。植物病原细菌主要是通过自然孔口或伤口入侵植物组织^[24]。本研究明确了海南杧果细菌性坏死病的病原, 为其田间诊断与防治提供了理论基础。在实际生产中, 可结合该病原的生物学特性, 综合运用农业、化学及生物防治手段, 从而有效遏制病害传播扩散, 减少杧果生产中的经济损失, 助力海南杧果产业实现可持续发展目标。

目前, 细菌物种水平的精准鉴定需综合形态学特征、生理生化指标及分子系统发育分析手段。多位点序列分析(Multilocus Sequence Typing, MLST)借助串联多个看家基因序列提高鉴定分辨率, 已成为细菌物种水平鉴定的可靠技术手段^[25]。本研究采用基于 16S rRNA、*fusA*、*leuS*、*pyrG*、*rplB* 和 *rpoB* 六个基因的 MLST, 并结合经典的形态生理指标和严格的科赫氏法则验证, 确保了鉴定结果的准确性。

本调查显示, 海南地区杧果细菌性病害的发生趋于复杂化与隐蔽化。尤其新发现的细菌性坏死病, 其早期叶片症状与常见的细菌性黑斑病高度相似, 病斑微小且不典型; 果实症状亦与细菌性黑斑病难以区分。这种症状的相似性极易导致田间误诊, 可能致使种植户在发病初期误用防治策略, 从而延误最佳防控时机, 增加防治难度。除鉴定出由分散泛菌引发的杧果细菌性坏死病外, 本项目组在近期研究中还发现方中达迪克氏菌(*Dickeya fangzhongdai*)所致的杧果细菌性回枯病, 该病害为全球首次报道^[13]。然而, 针对这些新发病害, 目前尚缺乏对其有效的防治药剂、病原菌潜在的抗药性及品种抗病性等生物学特性的系统认知, 存在明显的知识空白与防控盲区。因此, 亟需加强对这些新发病害的系统调查与综合研究, 为制定科学有效的防控策略奠定基础。

参考文献:

- [1] 张克非. 攀枝花芒果产业现状[J]. 农村实用技术, 2023(6): 9-10.
- [2] 郑素芳, 张岳恒. 海南芒果产业链现状研究[J]. 中国农业资源与区划, 2011, 32(2): 75-80. <https://doi.org/10.7621/cjarrp.1005-9121.20110215>
- [3] Doidge E M. A bacterial disease of the mango. *Bacillus mangiferae* n.sp.[J]. *Annals of Applied Biology*, 1915, 2(1): 1-45. <https://doi.org/10.1111/j.1744-7348.1915.tb05424.x>
- [4] Ah-You N, Gagnevin L, Grimont P A D, et al. Polyphasic characterization of xanthomonads pathogenic to members of the Anacardiaceae and their relatedness to species of *Xanthomonas*[J]. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2009, 59(Pt 2): 306-318. <https://doi.org/10.1099/ijs.0.65453-0>
- [5] Cazorla F M, Torés J A, Olalla L, et al. Bacterial apical necrosis of mango in Southern Spain: a disease caused by *Pseudomonas syringae* pv. *syringae*[J]. *Phytopathology*[®], 1998, 88(7): 614-620. <https://doi.org/10.1094/PHTO.1998.88.7.614>
- [6] 漆艳香, 蒲金基, 张欣, 等. 杧果树生黄单胞叶斑病病原的鉴定[J]. 果树学报, 2011, 28(4): 645-650. <https://doi.org/10.13925/j.cnki.gsx.2011.04.006>
- [7] Liu F, Zhan R L, He Z Q. First report of bacterial dry rot of mango caused by *Sphingomonas sanguinis* in China[J]. *Plant Disease*, 2018, 102(12): 2632. <https://doi.org/10.1094/PDIS-04-18-0589-PDN>
- [8] 何忠勤, 柳凤, 詹儒林, 等. 杧果细菌性干枯病病原菌的分离与鉴定[J]. 中国南方果树, 2019, 48(3): 1-5. <https://doi.org/10.13938/j.issn.1007-1431.20180403>
- [9] Gutiérrez-Barranquero J A, Cazorla F M, Torés J A, et al. First report of *Pantoea ananatis* causing necrotic symptoms in mango trees in the Canary Islands, Spain[J]. *Plant Disease*, 2019, 103(5): 1017. <https://doi.org/10.1094/PDIS-10-18-1903-PDN>
- [10] Gutiérrez-Barranquero J A, Cazorla F M, Torés J A, et al. *Pantoea agglomerans* as a new etiological agent of a bacterial necrotic disease of mango trees[J]. *Phytopathology*, 2019, 109(1): 17-26. <https://doi.org/10.1094/PHTO-06-18-0186-R>
- [11] Chen X L, Sun Q L, Tang L H, et al. First report of bacterial necrosis caused by *Pantoea vagans* in mango in China[J]. *Plant Disease*, 2023, 107(6): 1935. <https://doi.org/10.1094/PDIS-08-22-1950-PDN>
- [12] 林航航, 赵昕宇, 王林惠, 等. 芒果细菌性角斑病的防治技术研究[J]. 中国生物防治学报, 2024, 40(6): 1439-1446. <https://doi.org/10.16409/j.cnki.2095-039x.2024.02.070>
- [13] Han Z Y, Zheng H Y, Lin Y Q, et al. First report of bacterial dieback of mango caused by *Dickeya fangzhongdai* in China[J]. *Plant Disease*, 2025, 109(9): 1983. <https://doi.org/10.1094/PDIS-03-25-0587-PDN>
- [14] Heuer H, Krsek M, Baker P, et al. Analysis of actinomycete communities by specific amplification of genes encoding 16S rRNA and gel-electrophoretic separation in denaturing gradients[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 1997, 63(8): 3233-3241. <https://doi.org/10.1128/aem.63.8.3233-3241.1997>
- [15] Parkinson N, Devos P, Pirhonen M, et al. *Dickeya aquatica* sp. nov., isolated from waterways[J]. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2014, 64(Pt 7): 2264-2266. <https://doi.org/10.1099/ijs.0.058693-0>
- [16] Tian Y L, Zhao Y Q, Chen X Z, et al. Evidence for a novel phylotype of *Pseudomonas syringae* causing bac-

- terial leaf blight of cantaloupe in China[J]. *Plant Disease*, 2017, 101(10): 1746–1752. <https://doi.org/10.1094/PDIS-01-17-0110-RE>
- [17] 陈小林, 孙秋玲, 黄穗萍, 等. 广西芒果细菌性坏死病原菌鉴定[J]. *植物保护*, 2024, 50(1): 69–76. <https://doi.org/10.16688/j.zwbh.2022772>
- [18] Beveridge T J. Use of the Gram stain in microbiology [J]. *Biotechnic & Histochemistry*, 2001, 76(3): 111–118. <https://doi.org/10.1080/bih.76.3.111.118>
- [19] Schaad N W, Jones J B, Chun W. 植物病原细菌鉴定实验指导[M]. 赵廷昌, 译. 3 版. 北京: 中国农业科学技术出版社, 2011.
- [20] Walterson A M, Stavrinos J. *Pantoea*: insights into a highly versatile and diverse genus within the Enterobacteriaceae[J]. *FEMS Microbiology Reviews*, 2015, 39(6): 968–984. <https://doi.org/10.1093/femsre/fuv027>
- [21] Morales-Valenzuela G, Silva-Rojas H V, Ochoa-Martínez D, et al. First report of *Pantoea agglomerans* causing leaf blight and vascular wilt in maize and sorghum in Mexico[J]. *Plant Disease*, 2007, 91(10): 1365. <https://doi.org/10.1094/PDIS-91-10-1365A>
- [22] Barash I, Manulis-Sasson S. Recent evolution of bacterial pathogens: the gall-forming *Pantoea agglomerans* case[J]. *Annual Review of Phytopathology*, 2009, 47: 133–152. <https://doi.org/10.1146/annurev-phyto-080508-081803>
- [23] Toh W K, Loh P C, Wong H L. First report of leaf blight of rice caused by *Pantoea ananatis* and *Pantoea dispersa* in Malaysia[J]. *Plant Disease*, 2019, 103(7): 1764. <https://doi.org/10.1094/PDIS-12-18-2299-PDN>
- [24] Mansfield J, Genin S, Magori S, et al. Top 10 plant pathogenic bacteria in molecular plant pathology[J]. *Molecular Plant Pathology*, 2012, 13(6): 614–629. <https://doi.org/10.1111/j.1364-3703.2012.00804.x>
- [25] Gevers D, Cohan F M, Lawrence J G, et al. Re-evaluating prokaryotic species[J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2005, 3(9): 733–739. <https://doi.org/10.1038/nrmi-cro1236>

Identification of the pathogen causing mango bacterial necrosis disease in Hainan

Yang Yidan^{1#}, Zheng Huiying¹, Wang Kuaikuai¹, Wu Wei^{1,2},
Miao Weiguo², Lin Chunhua^{1,2*}

(1. Sanya Nanfan Research Institute of Hainan University, Hainan, Sanya 572025, China; 2. College of Tropical Agriculture and Forestry/ Key Laboratory of Green Prevention and Control of Tropical Plant Diseases, Hainan, Danzhou 571737, China)

Abstract: As an important tropical fruit in China, mango holds a critical position in Hainan's agricultural economy. In recent years, the threat posed by bacterial diseases to local mango production has been increasingly severe. Field surveys were conducted from April to May 2025 in the major-producing areas of Hainan Province, including Changjiang, Dongfang, Ledong, and Sanya, and symptomatic samples were collected to perform pathogen isolation and identification. The surveys showed that, in addition to the known bacterial black spot disease, bacterial necrosis was also present. Morphological observation, physiological and biochemical characterization, multilocus phylogenetic analysis based on 16S rRNA, *fusA*, *leuS*, *pyrG*, *rplB*, and *rpoB* gene sequences, and pathogenicity tests following Koch's postulates showed five out of ten isolated strains from the symptomatic samples were identified as *Pantoea dispersa*, confirming their role as the causal agent of mango bacterial necrosis disease. This disease is reported for the first time to infect mango in Hainan, which provides an important basis for the prevention and control of the disease in the local mango industry.

Keywords: Hainan province; mango bacterial necrosis disease; *Pantoea* genus; Koch's postulates

(责任编辑: 张 璿)