

**ĐA DẠNG SINH HỌC CỦA NẤM NỘI SINH  
PHÂN LẬP TỪ LÁ CÂY LẤY TRONG RỪNG QUỐC GIA CÁT TIÊN**

**LÊ THỊ HOÀNG YẾN, DƯƠNG VĂN HỢP**

*Viện Vi sinh vật và Công nghệ Sinh học - Đại học Quốc gia Hà Nội*

**YASUHISA TSURUMI, KASUHIKO ANDO**

*Viện Công nghệ và Thảm định Quốc gia Nhật Bản*

Nấm nội sinh thực vật là loài nấm tồn tại trong các bộ phận khác nhau của cây như thân, lá rễ, cành,... mà không gây ra bất kỳ một triệu chứng nhiễm bệnh bên ngoài nào, trừ khi cây chủ đang trong tình trạng không thuận lợi. Nấm nội sinh và cây chủ tạo nên một mối quan hệ có lợi cho nhau; cây chủ nuôi và làm nơi trú ngụ cho nấm nội sinh, còn nấm nội sinh lại giúp cây chống lại sâu bệnh, sức nóng và hạn hán. Do có nhiều ứng dụng trong dược phẩm, như khả năng sinh ra các hợp chất chống oxy hóa, hợp chất chống ung thư, chống đái tháo đường, tăng cường miễn dịch,... mà nấm nội sinh đang ngày càng được các nhà khoa học quan tâm nghiên cứu. Rừng mưa nhiệt đới là hệ sinh thái đa dạng sinh học nhất trên đất liền. Chúng bao phủ chỉ 1,44% bề mặt đất, nhưng lại chứa đựng hơn 60% đa dạng sinh học của thế giới. Người ta cho rằng những vùng có các loài thực vật đặc hữu thì cũng sở hữu các loài vi sinh vật nội sinh đặc hữu. Vì vậy đây là nơi cung cấp các cấu trúc phân tử mới và các chất có hoạt tính sinh học.

Rừng Quốc gia Cát Tiên là một khu bảo tồn thiên nhiên nằm trên địa bàn ba huyện Tân Phú, Vĩnh Cửu (Đồng Nai), Cát Tiên, Bảo Lộc (Lâm Đồng) và Bù Đăng (Bình Phước), cách thành phố Hồ Chí Minh 150 km về phía Bắc. Đặc trưng của Vườn Quốc gia này là rừng đất thấp ẩm ướt nhiệt đới. Vườn Quốc gia Cát Tiên đã ghi nhận hơn 1.300 loài thực vật bậc cao có mạch, trong đó có 34 loài có tên trong Sách Đỏ Việt Nam như Gõ đỏ (*Azelia xylocarpa*), Cẩm lai (*Dalbergia oliveri*), Dáng hương (*Pterocarpus macrocarpus*)... Với hệ thực vật đa dạng phong phú và đặc hữu như vậy, hứa hẹn sự đa dạng và xuất hiện nhiều loài nấm nội sinh mới. Trong nghiên cứu này chúng tôi tiến hành phân lập nấm nội sinh từ 9 mẫu lá Vườn Quốc gia Cát Tiên và phân loại dựa vào phân tích trình tự rDNA 28S đoạn D1D2.

**I. PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU**

**1. Mẫu phân lập**

Nấm được phân lập từ 9 mẫu lá cây tươi lấy trong Vườn Quốc gia Cát Tiên (Bảng 1).

*Bảng 1*

**Danh sách các mẫu lá cây lấy trong Vườn Quốc gia Cát Tiên**

| TT | Kí hiệu mẫu | Ngày lấy mẫu | Tên lá thực vật    | Độ cao | Nhiệt độ | Độ ẩm |
|----|-------------|--------------|--------------------|--------|----------|-------|
| 1. | P01         | 5/10/2006    | Lá cây đước        | -4     | 29,3     | 72,6  |
| 2. | P02         | 6/10/2006    | Lá cây Verbenaceae | 109    | 35       | 52    |
| 3. | P03         | 6/10/2006    | Lá cây Cycadaceae  | 119    | 30       | 78    |
| 4. | P04         | 6/10/2006    | Lá tre             | 116    | 30       | 78    |
| 5. | P05         | 6/10/2006    | Lá cà phê          | 153    | 31,8     | 51,5  |
| 6. | P06         | 6/10/2006    | Lá hạt tiêu        | 153    | 31,8     | 51,5  |
| 7. | P07         | 6/10/2006    | Lá cao su          | 135    | 29,4     | 68    |
| 8. | P08         | 7/10/2006    | Lá cây nhãn        | 37     | 26,3     | 80    |
| 9. | P09         | 7/10/2006    | Lá sắn tàu         | 52     | 24       | 86    |

## 2. Phương pháp phân lập

Phân lập bằng phương pháp khử trùng bề mặt: Cắt mẫu lá ra thành các miếng nhỏ, sau đó cho vào ống nghiệm. Rửa bề mặt lá bằng dung dịch 0,005% Aerosol OT (di-iso-octyl sodium sulfosuccinate). Làm khô mẫu, sau đó đặt mẫu lên đĩa thạch chứa môi trường LCA, đặt ở nhiệt độ 25<sup>0</sup>C, quan sát sự hình thành khuẩn lạc nấm sợi, dùng kim nhọn để tách từng khuẩn lạc sang môi trường LCA mới.

## 3. Phương pháp phân loại

DNA tổng số được tách theo phương pháp của Raeder có cải tiến. Trình tự gen rDNA 28S đoạn D1D2 (600 nucleotide) được nhân lên bằng phản ứng PCR sử dụng cặp mồi NL1, NL4 (Trình tự mồi NL1: 5' - GCATATCAATAAGCGGAGGAAAAG -3'; Trình tự mồi NL4: 5' - GGTCCGTGTTTCAAGACGG -3'). Sản phẩm PCR được tinh sạch bằng kit của QIAGEN (Invitrogen, Đức), kiểm tra độ tinh sạch của mẫu bằng máy quang phổ bước sóng 280/260. Trình tự DNA rDNA 28S đoạn D1/D2 được đọc trực tiếp trên máy đọc trình tự tự động 3100 Avant. Sau đó kết quả trình tự được so sánh với các trình tự của các loài đã được xác định trong Ngân hàng gen bằng chương trình BLAST ([www.ncbi.nlm.nih.gov](http://www.ncbi.nlm.nih.gov)). Cây phả hệ được xây dựng bằng phần mềm Clustal X phiên bản 1.8 và NJ-tree.

## II. KẾT QUẢ NGHIÊN CỨU

### 1. Phân lập

Mẫu lá cây tươi được lựa chọn là những mẫu khỏe, không có dấu hiệu của bệnh để tránh tạp nhiễm nấm gây bệnh thực vật trên lá. Ngay sau khi mẫu được lấy về, cần tiến hành phân lập ngay, đảm bảo nấm vẫn còn tồn tại và sống trong lá. Dùng phương pháp khử trùng bề mặt như đã mô tả ở trên để phân lập, chúng tôi thu được 153 chủng nấm. Sau đó quan sát hình thái khuẩn lạc và cơ quan sinh bào tử của chúng dưới kính hiển vi, chúng tôi loại bỏ những chủng trùng nhau trên cùng một mẫu, cuối cùng chọn ra 36 chủng có hình thái tương đối khác nhau (trung bình 4 chủng nấm được lựa chọn trên một mẫu), trong đó mẫu P01 là mẫu lấy từ lá cây được trong rừng ngập mặn là đa dạng về số lượng nhất (11 chủng), tiếp đó là mẫu P02, mẫu lá cây Verbenaceae (8 chủng). Lá cây tre, nhãn là những loài thực vật rất đặc trưng cho khu hệ thực vật vùng nhiệt đới, số lượng nấm nội sinh phân lập được là 4 chủng/mẫu- đạt mức độ trung bình. Trong khi đó nấm nội sinh tồn tại trong lá cây tiêu và cây cà phê rất thấp (bằng ¼ mức độ trung bình) (Bảng 2).

Bảng 2

Số lượng nấm nội sinh phân lập từ các mẫu lá

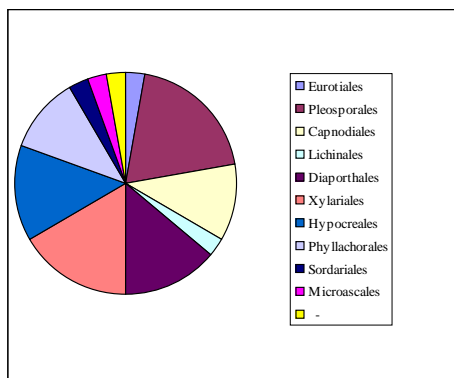
| TT          | Kí hiệu mẫu | Tên mẫu                   | Số lượng chủng phân lập |
|-------------|-------------|---------------------------|-------------------------|
| 1.          | P01         | Lá cây đước               | 11                      |
| 2.          | P02         | Lá cây <i>Verbenaceae</i> | 8                       |
| 3.          | P03         | Lá cây <i>Cycadaceae</i>  | 3                       |
| 4.          | P04         | Lá tre                    | 4                       |
| 5.          | P05         | Lá cà phê                 | 2                       |
| 6.          | P06         | Lá hạt tiêu               | 1                       |
| 7.          | P07         | Lá cao su                 | 1                       |
| 8.          | P08         | Lá cây nhãn               | 4                       |
| 9.          | P09         | Lá sắn tàu                | 2                       |
| <b>Tổng</b> |             |                           | <b>36 chủng</b>         |

Kết quả này cho thấy đa dạng sinh học nấm nội sinh không cao so với đa dạng nấm tồn tại trong đất, trong xác thực vật. Các nghiên cứu đa dạng nấm tồn tại trong đất và nấm trong xác thực vật được công bố trước đó cho thấy có khoảng 12-25 chủng nấm được lựa chọn/mẫu đất hoặc mẫu lá cây rụng. So với đa dạng nấm men trên mẫu lá, trung bình có 7,5 chủng nấm men phân lập được trên mỗi mẫu lá, thì nấm nội sinh thực vật Vườn Quốc gia Cát Tiên cũng là thấp.

## 2. Phân loại

### 2.1. Mức độ bộ

Tất cả 36 chủng nấm nội sinh đã lựa chọn được phân tích trình tự gen rDNA 28S đoạn D1D2, so sánh trình tự của chúng với các chủng trong Genbank All Tree Fungal of Life (AFTOL). Tất cả 36 chủng này thuộc về ngành Nấm túi Ascomycota, chia vào 3 lớp: Eurotiomycetes, Dothideomycetes và Sordariomycetes. Trong đó lớp Sordariomycetes đa dạng về số lượng và chủng loại phát sinh, gồm 25 chủng thuộc về 7 bộ (Diaporthales, Hypocreales, Lichinales, Phyllachorales, Microascales, Sordariales, Xylariales). Lớp Dothideomycetes chỉ gồm 5 chủng thuộc về 2 bộ (Capnodiales, Pleosporales). Lớp Eurotiomycetes gồm 1 chủng, thuộc về 1 bộ (Eurotiales). Riêng chủng VN06- F0009 thuộc về nhóm nấm có nguồn gốc tổ tiên không rõ ràng, chưa được xếp vào một lớp, bộ cụ thể nào (Hình 1).



Hình 1: Sơ đồ biểu diễn sự phong phú về số lượng của 10 bộ trong ngành Ascomycota nấm nội sinh thực vật Vườn Quốc gia Cát Tiên

Nhìn vào Hình 1 cho thấy, đa dạng nấm nội sinh thực vật Vườn Quốc gia Cát Tiên thuộc về 4 bộ: Pleosporales (7 chủng), Xylariales (6 chủng) Diaporthales (5 chủng), Hypocreales (5 chủng).

### 2.2. Mức độ chi, loài

Trình tự đoạn gen rDNA 28S của 36 chủng nấm nội sinh thực vật Vườn Quốc gia Cát Tiên được phân tích bằng máy chạy trình tự 3100 Avant. So sánh trình tự gen rDNA 28S của các chủng nấm phân lập và các loài đã công bố trên Ngân hàng gen ([www.ncbi.nlm.nih.gov](http://www.ncbi.nlm.nih.gov)) bằng chương trình Clustal 1.8, xây dựng cây phân loại bằng phần mềm NJ -tree, tính toán bootstrap được dựa trên 1000 nhóm ngẫu nhiên, giá trị bootstrap lớn hơn 50% được thể hiện trên cây phân loại. Kết quả (Hình 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8; Bảng 3) cho thấy đa dạng nấm nội sinh Vườn Quốc gia Cát Tiên khá phong phú về số lượng chi loài, gồm 14 chi được chia ra làm 22 loài trong đó có 11 loài nghi ngờ là loài mới, đó là: *Aspergillus sydowii*, *Colletotrichum fragariae*, *Colletotrichum gloeosporioides*, *Colletotrichum* sp., *Diaporthe* spp., *Fusarium chlamydosporum*, *Lasiodiplodia pseudotheobromae*, *Lophiostoma* sp., *Microascus* sp., *Mycocleptodiscus* sp., *Mycosphaerella* spp., *Phyllosticta fallopiae*, *Scolecobasidium* sp., *Triangularia tanzaniensis*, *Trichoderma harzianum*, *Xylaria apiculata*, *Xylaria cubensis*, *Xylaria* spp.. Đặc biệt là có 2 chủng VN06-F0021, VN06-F0020 nằm riêng rẽ với các chi, các loài đã công bố (Hình 5).

Mặc dù vẫn còn khó khăn để so sánh việc nghiên cứu trước đó và gần đây rằng loài nấm nội sinh nào được coi là loài chiếm ưu thế, nhưng người ta vẫn cho rằng các loài nấm thuộc chi nấm *Colletotrichum*, *Mycosphaerella*, *Glomerella*, *Guignardia*, *Xylaria*, *Fusarium*, *Aspergillus*, *Trichoderma* được cho là các loài nấm nội sinh phổ biến, được phân lập từ rất nhiều loài thực vật khác nhau trong rừng nhiệt đới.

Bảng 3

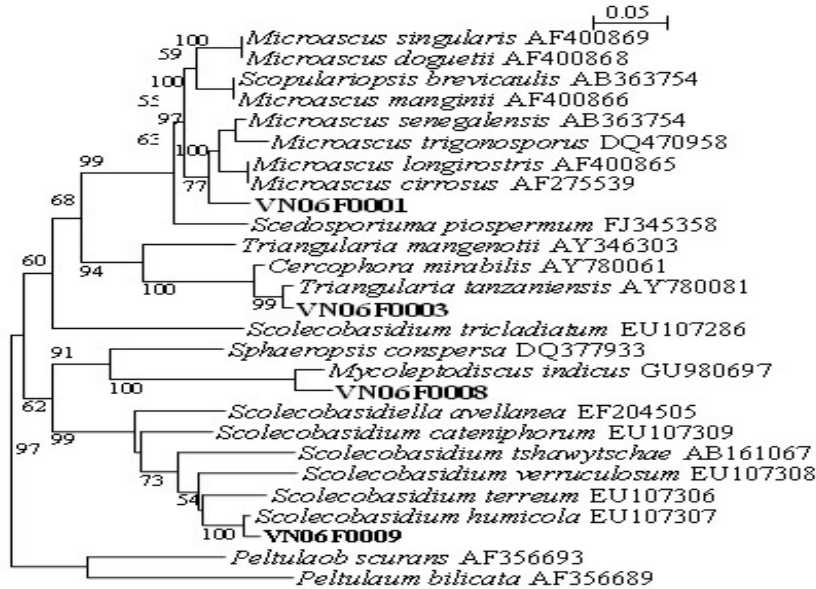
**Kết quả phân loại các chủng nấm nội sinh phân lập từ Vườn Quốc gia Cát Tiên**

| Bộ             | Kí hiệu chủng                         | Tên phân loại (a)                         |
|----------------|---------------------------------------|---|
| Capnodiales    | VN06F0002,<br>VN06F0004,<br>VN06F0007 | <i>Mycosphaerella</i> sp1. (3)            |
|                | VN06F0036                             | <i>Mycosphaerella</i> sp2. (1)            |
| Diaporthales   | VN06F0006                             | <i>Diaporthe</i> sp1. (1)                 |
|                | VN06F0012                             | <i>Diaporthe</i> sp2. (1)                 |
|                | VN06F0032, VN06F0027,<br>VN06F0015    | <i>Diaporthe</i> sp3. (3)                 |
| Hypocreales    | VN06F0016, VN06F0017                  | <i>Trichoderma harzianum</i> (2)          |
|                | VN06F0022, VN06F0030,<br>VN06F0034    | <i>Fusarium chlamydosporum</i> (3)        |
|                |                                       |   |
| Pleosporales   | VN06- F0018, VN06- F0013              | <i>Phyllosticta fallopiae</i> (2)         |
|                | VN06- F0035                           | <i>Lophiostoma</i> sp. (1)                |
|                | VN06-F0026                            | <i>Lasiodiplodia pseudotheobromae</i> (1) |
|                | VN06-F0021                            | -   |
|                | VN06-F0020                            | -   |
| Phyllachorales | VN06F0005,<br>VN06F0011               | <i>Colletotrichum gloeosporioides</i> (2) |
|                | VN06F0014                             | <i>Colletotrichum fragariae</i> (1)       |
|                | VN06F0033                             | <i>Colletotrichum</i> sp. (1)             |
|                |                                       |   |
| Xylariales     | VN06F0010                             | <i>Xylaria</i> sp1. (1)                   |
|                | VN06F0023                             | <i>Xylaria</i> sp2. (1)                   |
|                | VN06F0019,<br>VN06F0037               | <i>Xylaria cubensis</i> (2)               |
|                | VN06F0025                             | <i>Xylaria apiculata</i> (1)              |
|                |                                       |   |
| Eurotiales     | VN06- F0031                           | <i>Aspergillus sydowii</i> (1)            |
| Microascales   | VN06F0001                             | <i>Microascus</i> sp. (1)                 |
| Lichinales     | VN06- F0008                           | <i>Mycocleptodiscus</i> sp.(1)            |
| Sordariales    | VN06F0003                             | <i>Triangularia tanzaniensis</i> (1)      |
| -              | VN06- F0009                           | <i>Scolecobasidium</i> sp.(1)             |

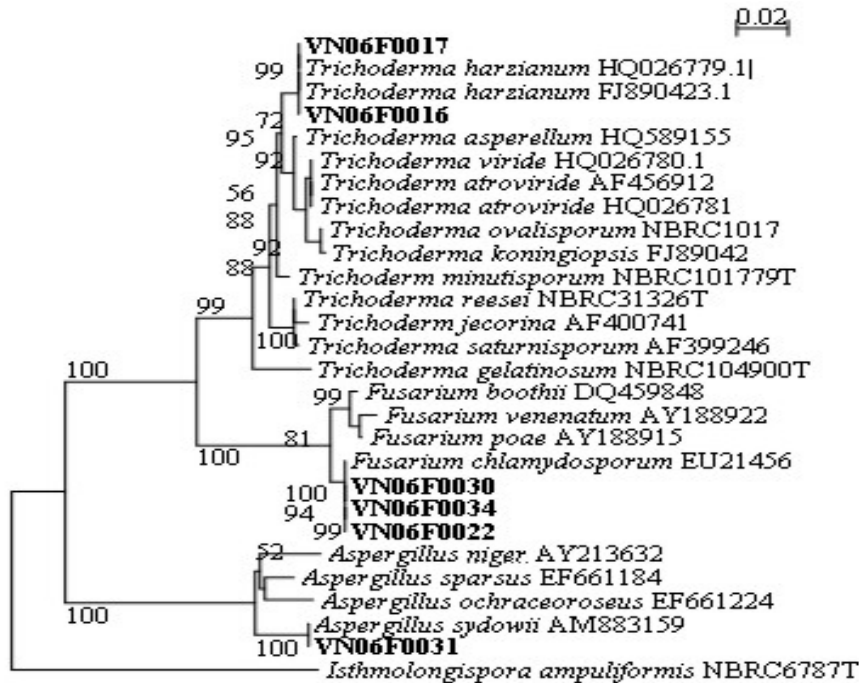
Ghi chú: a: Số chủng; -: Chưa xác định.

Trong nghiên cứu này, chi *Xylaria* (5/36 chủng), *Diaporthe* (5/36 chủng), *Mycosphaerella* (4/36 chủng), *Fusarium* (3/36 chủng) là chi có tần suất bắt gặp cao. Trong khi đó một số chi, chẳng hạn như: *Aspergillus*, *Microascus*, *Mycocleptodiscus*, *Scolecobasidium*, *Triangularia* xuất hiện ở tần suất thấp (1/36 chủng). Một số chủng nấm nội sinh không thể phân loại được dựa vào phân tích trình tự rDNA (Hình 2, 4, 5, 6, 7, 8), cho thấy chúng có thể thuộc về một loài chưa được mô tả. Trong thực tế, người ta cũng cho rằng thực vật trong rừng nhiệt đới có thể là nơi sinh sống của đa dạng các loài vi sinh vật nội sinh, chúng được cho là nơi cung cấp loài mới với

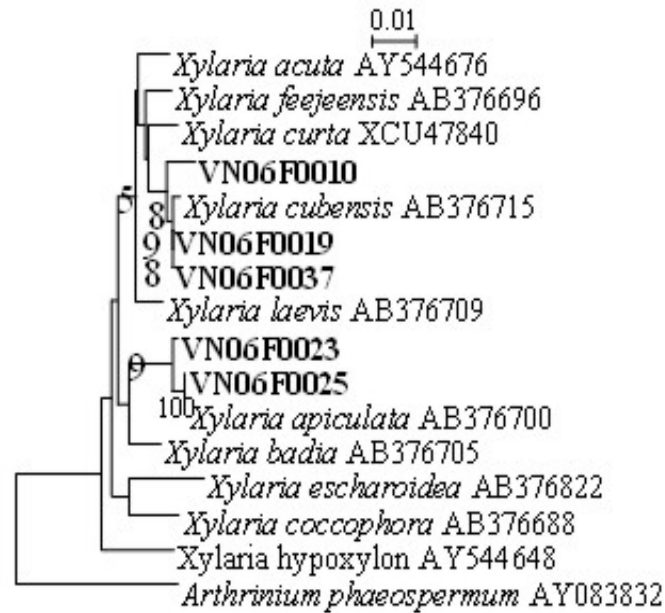
các hoạt chất sinh học mới. Vì vậy những chủng này cần được nghiên cứu phân loại bằng hình thái cũng như đánh giá hoạt tính của chúng.



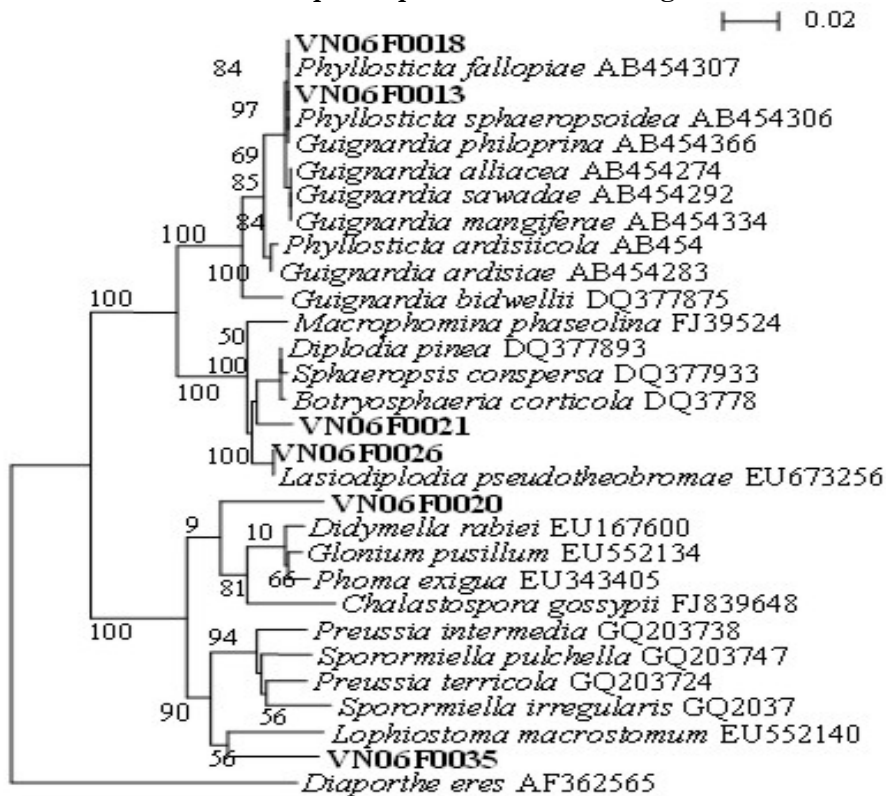
Hình 2: Cây phát sinh chủng loại của 4 chủng thuộc bộ Microascales, Sordariales, Lichinales với 21 loài thuộc các chi *Microascus*, *Scopulariopsis*, *Scedosporium*, *Triangularia*, *Cercophora*, *Scolecobasidium*, *Sphaeropsis* được xây dựng dựa vào trình tự DNAr 28S đoạn D1D2; 2 loài thuộc chi *Peltulaob* làm nhóm ngoài



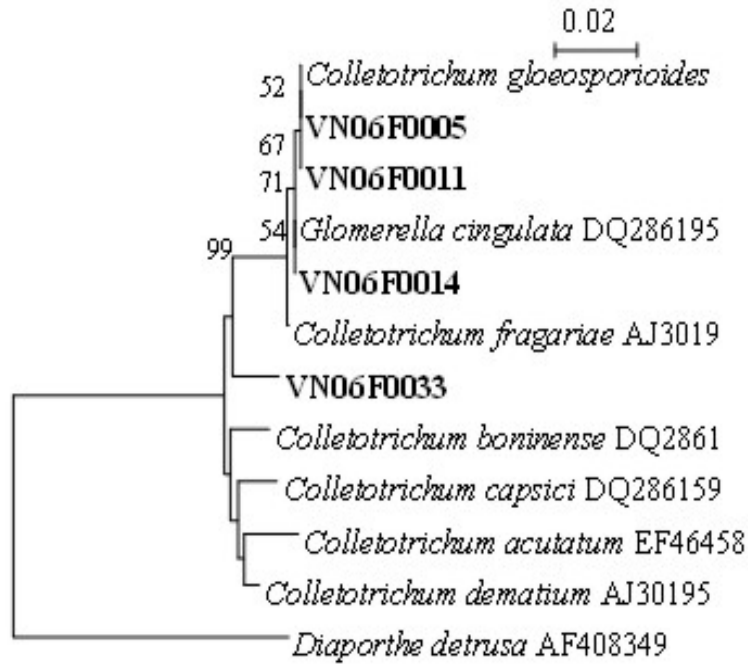
Hình 3: Cây phát sinh chủng loại của 5 chủng thuộc bộ Hypocreales, 1 chủng thuộc bộ Eurotiales, với 21 loài thuộc các chi *Trichoderma*, *Fusarium*, *Aspergillus* được xây dựng dựa vào trình tự DNAr 28S đoạn D1D2; *Isthmologispora ampuliformis* làm nhóm ngoài



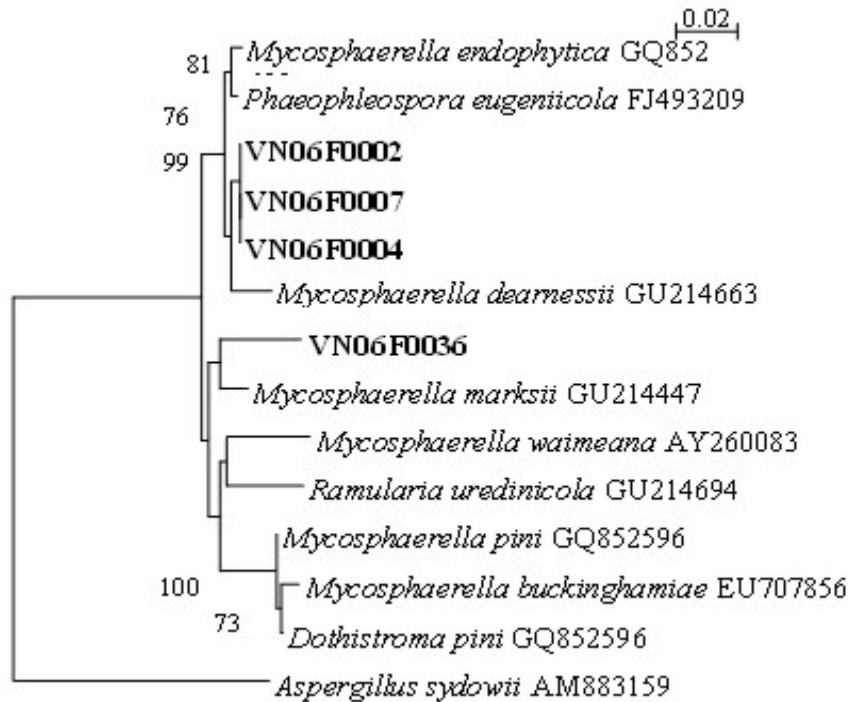
Hình 4: Cây phát sinh chủng loại của 5 chủng trong bộ Xylariales với 10 loài thuộc chi *Xylaria* được xây dựng dựa vào trình tự DNAr 28S đoạn D1D2; *Arthrinium phaeospermum* làm nhóm ngoài



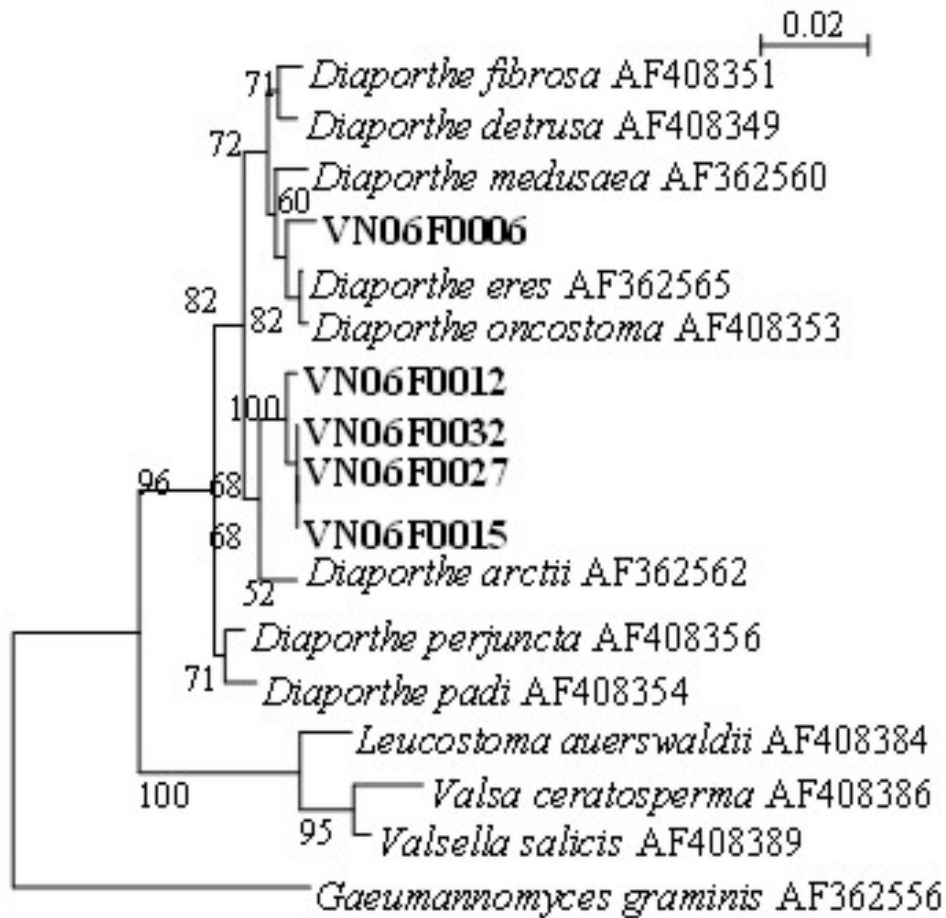
Hình 5: Cây phát sinh chủng loại của 6 chủng trong bộ Pleosporales với 15 loài thuộc các chi *Phyllosticta*, *Guignardia*, *Macrophomina*, *Lasiodiplodia*, *Diplodia*, *Botryosphaeria*,... được xây dựng dựa vào trình tự DNAr 28S đoạn D1D2; *Diaporthe eres* làm nhóm ngoài



Hình 6: Cây phát sinh chủng loại của 4 chủng trong bộ Phyllachorales với 7 loài thuộc chi Phyllachorales và dạng hữu tính của chúng được xây dựng dựa vào trình tự DNAr 28S đoạn D1D2; *Diaporthe detrusa* làm nhóm ngoài



Hình 7: Cây phát sinh chủng loại của 4 chủng trong bộ Capnodiales với 9 loài thuộc chi *Mycosphaerella* và dạng hữu tính của chúng được xây dựng dựa vào trình tự DNAr 28S đoạn D1D2; *Aspergillus sydowii* làm nhóm ngoài



Hình 8: Cây phát sinh chủng loại của 6 chủng trong bộ Diaporthales với 11 loài thuộc các chi *Diaporthe*, *Leucostoma*, *Valsella* được xây dựng dựa vào trình tự DNAr 28S đoạn D1D2; *Gaeumannomyces graminis* làm nhóm ngoài

### III. KẾT LUẬN

Từ 9 mẫu lá cây tươi thu thập từ Vườn Quốc gia Cát Tiên, chúng tôi phân lập được 153 chủng nấm nội sinh thực vật, chọn ra 36 chủng đặc trưng cho mỗi mẫu để phân tích trình tự rDNA 28S. Cả 36 chủng nấm nội sinh này đều thuộc ngành Ascomycota, chia vào 3 lớp: Eurotiomycetes, Dothideomycetes và Sordariomycetes, 10: b Diaporthales, Hypocreales, Lichinales, Phyllachorales, Microascales, Sordariales, Xylariales, Capnodiales, Pleosporales, Eurotiales. Riêng chủng VN06- F0009 thuộc về nhóm nấm có nguồn gốc tổ tiên không rõ ràng, chưa được xếp vào một lớp, bộ cụ thể nào.

Phân loại đến mức độ chi loài cho thấy chúng thuộc về 14 chi, 22 loài trong đó có 11 loài được cho là loài mới, đó là: *Aspergillus sydowii*, *Colletotrichum fragariae*, *Colletotrichum gloeosporioides*, *Colletotrichum* sp., *Diaporthe* spp., *Fusarium chlamydosporum*, *Lasiodiplodia pseudotheobromae*, *Lophiostoma* sp., *Microascus* sp., *Mycoleptodiscus* sp., *Mycosphaerella* spp., *Phyllosticta fallopiae*, *Scolecobasidium* sp., *Triangularia tanzaniensis*, *Trichoderma harzianum*, *Xylaria apiculata*, *Xylaria cubensis*, *Xylaria* spp. 2 chủng VN06F0020, VN06F0021 được nghi ngờ là chi mới.



Chi *Xylaria*, *Diaporthe* tần suất bắt gặp cao nhất (có 5/36 chủng), sau đó đến các chi *Mycosphaerella* (có 4/36 chủng), *Fusarium* (có 3/36 chủng). Một số chi, như: *Aspergillus*, *Microascus*, *Mycoleptodiscus*, *Scolecobasidium*, *Triangularia* xuất hiện ở tần suất thấp (có 1/36 chủng).

#### TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. **Bacon C. W., and J. F. White**, 2000: *Microbial endophytes*, Marcel Dekker Inc., New York.
2. **Debdulal B.**, 2011: *Research Journal of Microbiology*, 6: 54-62.
3. **Luong D. T., P. T. T. Mai, T. T. L. Quyen, D. V. Hop**, 2009: Study on biodiversity of yeasts isolated in samples, collected in Phongnha - Kebang National Park. 6<sup>th</sup> ACM meeting – Hanoi 2009.
4. **Mittermeier R. A., N. Meyers, P. R. Gil and C. G. Mittermeier**, 1999: *Hotspots: Earth's Biologically Richest and Most Endangered Ecoregions*, Toppan Printing Co., Japan.
5. **Strobel G, Daisy B.**, 2003: *Microbiol Mol Biol Rev*, 67: 491-502.
6. **Strobel, GA.**, 2002: *Can. J. Plant Pathol.*, 24: 14-20.
7. **Yến L. T. H., Y. Kurihara, N. T. L. Hoa, D. V. Hốp, K. Ando**, 2008: *Tạp chí Di truyền học và Ứng dụng*, 4: 22-28.
8. **Yen L. T. H., N. H. Minh, D. V. Hop, N. L. Dung, K. Ando**, 2009: Mycological diversity and biological activities of soil fungi isolated in Trung Khanh nature reserve, 6<sup>th</sup> ACM meeting – Hanoi 2009.
9. **Zhang B., G. Salituro, D. Szalkowski, Z. Li, Y. Zhang, I. Royo, D. Vilella, M. Dez, F. Pelaez, C. Ruby, R. L. Kendall, X. Mao, P. Griffin, J. Calaycay, J. R. Zierath, J. V. Heck, R. G. Smith, and D. E. Moller**, 1999: *Science*, 284: 974-981.

**Lời cảm ơn:** Công trình được sự hỗ trợ kinh phí từ nhiệm vụ: “Bảo tồn và lưu giữ nguồn gen vi sinh vật” thuộc chương trình Quỹ Gen- Bộ Khoa học và Công nghệ. Và Dự án Hợp tác nghiên cứu giữa Viện Vi sinh vật và Công nghệ Sinh học - Đại học Quốc gia Hà Nội và Viện Công nghệ Quốc gia Nhật Bản (NITE) về “Nghiên cứu đa dạng vi sinh vật ở Việt Nam”

#### STUDY ON BIODIVERSITY OF LEAF ENDOPHYTIC FUNGI IN THE CAT TIEN NATIONAL PARK, VIET NAM

LE THI HOANG YEN, DUONG VAN HOP,  
YASUHISA TSURUMI, KATSUHIKO ANDO

#### SUMMARY

Endophytic fungi were isolated from living symptomless leaves of 9 samples at different locations in the Cat Tien National Park- Viet Nam. Thirty-six fungal morphotaxa were characterized from 153 cultures and selected for further molecular phylogenetic analysis using large nuclear ribosomal DNA sequences (28S). The 36 endophytes were identified for various

taxonomic levels, and some of them were used for the species level based on fungal sequences with known identities in GenBank. They belong to 10 orders (Diaporthales, Hypocreales, Lichinales, Phyllachorales, Microascales, Sordariales, Xylariales, Capnodiales, Pleosporales, Eurotiales), 14 genera, 22 species: *Aspergillus sydowii*, *Colletotrichum fragariae*, *Colletotrichum gloeosporioides*, *Colletotrichum* sp., *Diaporthe* spp., *Fusarium chlamydosporum*, *Lasiodiplodia pseudotheobromae*, *Lophiostoma* sp., *Microascus* sp., *Mycoleptodiscus* sp, *Mycosphaerella* spp., *Phyllosticta fallopiae*, *Scolecobasidium* sp., *Triangularia tanzaniensis*, *Trichoderma harzianum*, *Xylaria apiculata*, *Xylaria cubensis*, *Xylaria* spp., of which 11 were suspected to be new species. Two strains were suspected to be new genera. Furthermore, the results suggest that *Xylaria*, *Diaporthe*, *Mycosphaerella* , *Fusarium* species are the dominant fungal endophytes in the Cat Tien National Park plant.