

赵娅红, 涂艳芳, 王悦, 等. 基于高通量测序分析菊花枯萎病对根际土壤真菌群落结构的影响[J]. 江苏农业科学, 2022, 50(24): 198–204.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2022.24.030

基于高通量测序分析菊花枯萎病对根际土壤 真菌群落结构的影响

赵娅红¹, 涂艳芳⁴, 王悦¹, 吴治兴¹, 刘敏荣³, 卢超¹, 刘佳妮¹, 余磊¹, 陈志星³, 姚茹瑜², 黄飞燕¹

(1. 昆明学院农学院/云南省都市特色农业工程技术研究中心, 云南昆明 650214; 2. 云南农业职业技术学院, 云南昆明 650106;

3. 昆明虹之华园艺有限公司, 云南昆明 651700; 4. 云南省开远市农业技术推广中心, 云南开远 661690)

摘要:基于菊花枯萎病对根际土壤真菌群落结构的影响为了给菊花枯萎病的防治提供一定的研究思路,通过实地考察,以云南省具有代表性的菊花种植基地采集病健植株根际土壤作为试验样本,运用高通量测序技术,分析采集到的健康植株与发病植株的根际土真菌的群落差异。结果表明:菊花健康植株根际土壤的 Shannon、ACE 和 Chao 指数分别比菊花感病植株高 0.988 9、37.48 和 33.39,而 Simpson 指数比感病植株低 0.29;健康的菊花植株根际土中真菌特有的操作分类单元(OTUs)比菊花感病植株高 5.06 百分点,说明菊花病健植株的根际土壤真菌群落存在明显差异;同时,两类根际土主要优势菌纲是粪壳菌纲(Sordariomycetes)、被孢霉纲(Mortierellomycetes)、座囊菌纲(Dothideomycetes),且粪壳菌纲在菊花病健植株根际土纲水平上的相对丰富度最高;主要优势菌目有肉座菌目(Hypocreales)、小丛壳目(Glomerellales)、被孢霉目(Mortierellales),且肉座菌目(Hypocreales)在菊花病健植株根际土目水平上的相对丰富度最高;主要优势菌科为肉座菌科(Hypocreaceae)、小不整球壳科(Plectosphaerellaceae)、被孢霉科(Mortierellaceae),且肉座菌科在菊花病健植株根际土科水平上的相对丰富度最高;主要优势菌属有木霉属(Trichoderma)、织球壳菌属(Plectosphaerella)、被孢霉属(Mortierella),且木霉属在菊花病健植株根际土属水平上的丰富度最高;主要优势菌种有棘孢木霉(Trichoderma asperellum)、unclassified_g_Plectosphaerella、皱枝孢霉(Cladosporium delicatulum),且棘孢木霉在菊花病健植株根际土种水平上的相对丰富度最高。高通量测序技术结果表明,菊花枯萎病会致使土壤微生物结构群落发生改变,健康植株的土壤真菌群落结构更为丰富,而病变植株由于根际土壤的微生物菌群减少从而影响菊花的正常生长。

关键词:菊花;枯萎病;根际土壤;高通量测序;真菌;群落结构;多样性指数

中图分类号:S154.3 **文献标志码:**A **文章编号:**1002-1302(2022)24-0198-07

菊花在植物学的分类中属于菊科菊属的多年生宿存根草本植物,适应性强,喜凉,较耐寒,耐干旱,怕涝,作为一种短日照植物,在我国大部分地区广泛种植。菊花还可以药用治病,长期服用或饮用菊花茶有益身体健康,像菊花粥、菊花糕等不仅风味鲜美,而且营养丰富。因此,菊花不仅具有较高的观赏、食用、经济及药用价值。许多病害在菊花的生长过程中常伴随发生,枯萎病就是菊花栽培过程中的重要病害之一。相关研究报道,菊花枯萎

病在许多国家均有发生,在美国菊花生产中已成为严重的问题。我国许多偏远地区也经常有该病发生,虽然目前其发病率不高,也不普遍,但因其发生病因不同,防治困难,危害大,且植株一旦染病,迅速出现萎蔫病症或干枯致死^[1]。菊花枯萎病是一种典型真菌性菊花病害,植株感染该病时,生长缓慢,下部菊花叶片逐渐失绿甚至发黄或者失去光泽,严重症状时叶片凹凸不平;随着病害逐渐向植株上部叶片扩展,最终会导致全株菊花叶片全部萎蔫下垂、变褐、枯死^[2]。菊花枯萎病也是一种比较多见的土传病害,病菌一般从植株根部迅速侵入,引起植株维管束病害^[3],严重影响植株正常生长并导致大量菊花死亡,产量严重下降。

土壤被称为微生物的“天然培养基”,作为特殊的微生态环境,植物根际也聚居着各种微生物,这些微生物在根上的分布和繁殖对植物的生长发育

收稿日期:2021-11-19

基金项目:云南省科技重点研发计划(编号:2018BB011)。

作者简介:赵娅红(1991—),女,云南昆明人,硕士研究生,主要从事植物保护栽培研究。E-mail:190550225@qq.com。

通信作者:黄飞燕,博士,副研究员,主要从事作物遗传育种研究, E-mail:125593879@qq.com;姚茹瑜,博士,讲师,主要从事植物病虫害研究, E-mail:yaoruyu@163.com。

有较大影响,它不仅能对植物生长有促进作用,也可引起植株发病。因大部分土壤微生物仍不能人工培养,仅利用传统土壤生物学研究手段和生物测序分析技术来揭示土壤环境微生物多样性已经是顾此失彼,但新测序技术的快速发展和改进,让众人对土壤微生物的了解更全面^[4]。二代测序技术在过去十年中不断发展起来,它具有低成本、数据精准等优点,该测序技术单次测序数据量大,可实现对数百万个 DNA 分子的测序^[5]。

近几年来,高通量测序广泛用于农业、工业等领域,比如作物的栽种及养护、基因组重测序^[6];应用高通量测序分析作物碎米荠的根际土壤微生物多样性^[7];以及基于高通量测序技术研究根际土壤微生物多样性^[8]等。目前,从高通量测序分析技术应用发展情况来看,此测序技术主要应用在生命科学和医疗健康 2 个研究领域,但基于高通量测序分析菊花枯萎病对根际土壤真菌群落结构影响的研究还鲜见报道。通过高通量测序技术对微生物鉴定和检测,可以深入研究微生物的群落结构,了解微生物分布多样性^[9]。

根际是植物、土壤和其他微生物之间连接最为紧密的复杂微生物环境^[10-11]。土壤微生物是土壤生物地理群落中最为活跃的部分,对土壤环境的变化敏感度较高,能较早准确地表征土壤质量和生态功能的变化,其主要包含细菌、真菌以及放线菌^[12-13]。真菌是土壤微生物组成中不可或缺的部分,土壤有机质转化均受到土壤真菌类型和数目的影响^[14-15]。研究表明,土壤真菌多样性与发生土传病害概率和植物、健康存在紧密关系^[16-17],探究根际微生物对菊花枯萎病发生和危害的影响,对研究防治菊花枯萎病具有重要意义^[18]。菊花枯萎病是整个菊花生长期均会发生的一种真菌性土传病害,给靠菊花作为经济来源的农民和生产企业带来严重的经济损失^[19]。

因此,本研究利用高通量测序技术分析发病菊花植株和健康菊花植株的根际土真菌群落结构,探究根际微生物对菊花枯萎病发生造成的影响,以期了解枯萎病的发生和危害机理,对菊花枯萎病的防治提供参考依据。

1 材料与方法

1.1 供试材料

样品于 2018 年 7 月在云南省昆明市嵩明县昆

明虹之华园艺公司的菊花种植基地(103°5′25″E, 25°21′24″N)采集。通过观察法和多点采样法结合的方式,选取菊花枯萎病发病典型的植株和未患菊花枯萎病生长健康的植株,根际土壤样品分别命名为发病土(pathogen)和健康土(health)。

在同一地块(土质一致)中选取未患菊花枯萎病生长健康的植株和具菊花枯萎病典型症状的植株各 3 株,分离植株根系表层土,然后将植株小心拔离原种植土,轻轻抖散根系上附着的松散土壤并收集,去除根际土样的杂质、碎石和植株细根,最后余留部分土壤放入自封袋中并做好标注,所有菊花植株根际土样单独封存,置于事先准备好的液氮中,带回实验室-80℃冰箱保存。

1.2 测定项目与方法

1.2.1 土壤总 DNA 的提取 利用土壤基因组 DNA 提取试剂盒 FastDNA® Spin Kit for Soil,提取各个土壤样品 DNA, DNA 的浓度和纯度都利用 NanoDrop 2000 超微量分光光度计检测,再利用琼脂糖凝胶电泳技术检测样品 DNA 提取质量。

1.2.2 18S rRNA PCR 扩增及高通量测序 使用引物 ITS1 F (5′-ACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAA-3′) 和引物 ITS2 R (5′-BGCTGCGTTCTTCATCGA TGC-3′) 对 18S rRNA 基因的 ITS-1 可变区进行聚合酶链式反应(PCR)扩增,操作程序如下:3 min 的 95℃预变性;95℃变性 30 s, 55℃退火 30 s, 72℃延伸 45 s, 36 个循环;72℃延伸 10 min。扩增体系为 20 μL: 5×FastPfu 缓冲液 4 μL; 2.5 mmol/L 脱氧核糖核苷三磷酸(dNTPs) 2 μL; 5 μmol/L 前置引物(forward primer) 0.8 μL; 5 μmol/L 后置引物(reverse primer) 0.8 μL; 0.4 μL FastPfu 聚合酶; 0.2 μL 牛血清白蛋白(BSA); 10 ng DNA 模板; 加双蒸水至 20 μL。最后使用 2% 琼脂糖凝胶回收 PCR 产物,利用凝胶回收试剂盒(AxyPrep DNA Gel Extraction Kit, 美国 Axygen 公司)进一步纯化回收,送往上海美吉生物医药科技有限公司进行 MiSeq 测序。

1.2.3 下机数据的质控与分析 原始测序序列使用 Trimmomatic 软件质控,用 Flash 软件进行分类序列的拼接。利用 USEARCH 软件过滤,最终得到序列,去除嵌合体序列可得到有效序列。用 Uparse 软件在 97% 的相似性水平上划分出可操作分类序列单元。代表序列用 silva 数据库和 RDP classifier 软件进行物种注释,利用 Mothur (version 1.30.1) 软

件做稀释度曲线,计算覆盖率 (coverage)、Simpson 指数、ACE 指数、Chao1 指数及 Shannon 指数,对其物种丰富度指数 (species richness index) 及其多样性进行综合评价;然后利用 QIIME 软件建立的 Bray - Curtis 分析算法进行主坐标分析 (PCoA)。

1.3 数据处理

采用 Excel 2019 进行数据处理;采用 SPSS 22.0 进行统计分析,再利用邓肯氏 (Duncan’s) 新复极差法进行多重比较和综合分析。

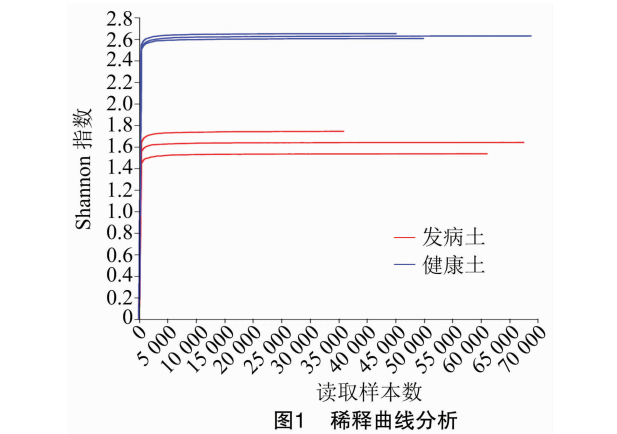
2 结果与分析

2.1 Shannon 指数稀释曲线

从图 1 可知,稀释曲线均趋于平缓,说明在该土壤深度下测序数据是合理的,可真实反映样本土壤中绝大多数的微生物信息,也可以看出健康根际土真菌多样性高于病株根际土,菊花枯萎病对根际土壤微生物有一定影响。

2.2 病株根际土与健康根际土真菌群落多样性及丰富度分析

覆盖率是指样本中序列被检测出的概率,其值越高,代表本次测序结果越符合样本中微生物的实际情况。本试验中,在 97% 的序列相似性水平上,相应文库覆盖率在 99% 以上,表明测序读长足以进



行此项分析。由表 1 可知,发病植株根际土 Shannon 指数比健康植株根际土的低 0.988 9,发病植株根际土的 Simpson 指数比健康植株高 0.29。综上所述,菊花病株的根际土真菌群落多样性比健康根际土的低。

由表 1 可知,发病菊花植株根际土壤真菌 ACE 和 Chao 指数较健康菊花植株的根际土壤分别低 37.48、33.39,说明健康菊花植株的根际土真菌群落丰富度比发病的菊花植株高。健康菊花植株根际土真菌的 Sobs 指数比发病植株高 34.67,说明菊花健康植株的根际土真菌群落的物种数目比发病植株多。

表 1 根际土壤真菌群落多样性

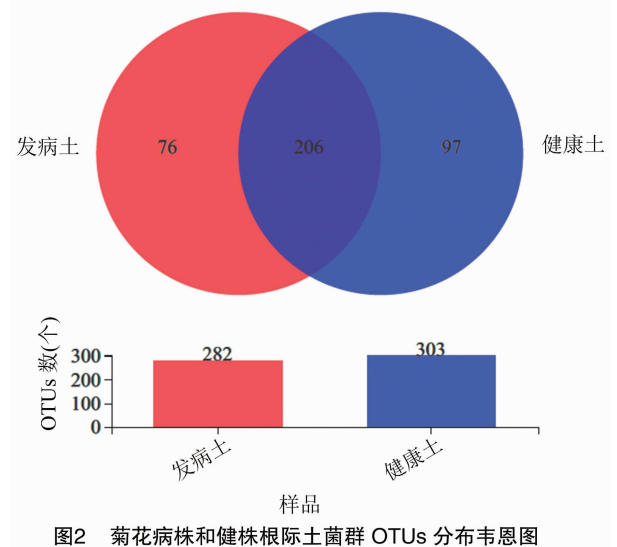
样品数	Sobs 指数	Shannon 指数	Simpson 指数	ACE 指数	Chao 指数	文库覆盖率 (%)
发病土	184.00	1.639 3	0.43	210.56	210.67	99.93
健康土	218.67	2.628 2	0.14	248.04	244.06	99.92

2.3 真菌群落相关性分析

真菌操作分类单元 (OTUs) 分布韦恩图表明 (图 2),菊花病株特有的 OTUs 为 76 个,菊花健株特有的 OTUs 为 97 个,病株和健株 2 个样品共有的 OTUs 为 206 个,健株菊花根际土真菌特有的 OTUs 占其总数的 32.01%,感病菊花植株根际土真菌特有的 OTUs 占其总数的 26.95%,菊花健康植株根际土壤真菌特有的 OTUs 比菊花感病植株高 5.06 百分点。由此可见,健康菊花植株根际土壤比发病植株真菌的种类组成多,说明发病菊花植株与健康菊花植株根际土壤真菌群落 OTUs 水平存在一定差异。

2.4 健株和病株根际土真菌菌群落组成分析

2.4.1 纲水平群落组成



际土和菊花健株根际土在纲水平上的主要菌群为粪壳菌纲 (Sordariomycetes)、被孢霉纲 (Mortierellomycota)、座囊菌纲 (Dothideomycetes)、散囊菌纲 (Eurotiomycetes)、unclassified_p_Mortierellomycota、油壶菌纲 (Olpidiomyces)。在菊花病株根际土中相对丰富度依次为 89.11%、4.51%、2.13%、0.30%、1.62%、0.43%，在菊花健株根际土中相对丰富度依次为 71.44%、7.79%、8.50%、4.75%、1.07%、2.10%；病株根际土的粪壳菌纲、unclassified_p_Mortierellomycota 相对丰富度比健株根际土的分别多 17.67 百分点、0.55 百分点；而健株根际土的被孢霉纲、座囊菌纲、散囊菌纲、油壶菌纲相对丰富度比病株根际土的分别多 3.28%、6.37%、4.45%、1.67%，且粪壳菌纲在菊花病健植株根际土纲水平上的相对丰富度最高。

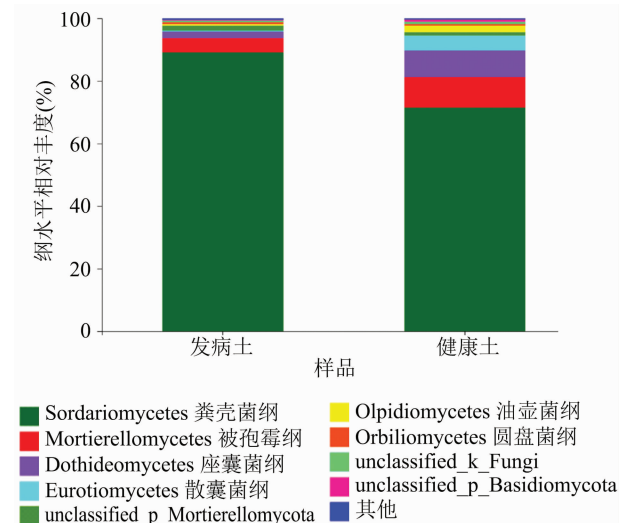


图3 菊花病株和健株根际土真菌纲水平上的相对丰度

2.4.2 目水平群落组成 由图4可知，菊花病株根际土和健康根际土在目水平上的主要菌群有肉座菌目 (Hypocreales)、小丛壳目 (Glomerellales)、被孢霉目 (Mortierellales)、煤炱目 (Capnodiales)、粪壳菌目 (Sordariales)、散囊菌目 (Eurotiales)、unclassified_p_Mortierellomycota、油壶菌目 (Olpidiales)，在病株根际土中相对丰富度依次为 78.19%、6.58%、4.51%、2.07%、4.25%、0.24%、1.62%、0.43%，在健株根际土中相对丰富度依次为 40.15%、27.65%、9.79%、8.45%、3.51%、4.73%、1.07%、2.10%。病株根际土的肉座菌目、粪壳菌目、unclassified_p_Mortierellomycota 相对丰富度比健株根际土的分别多 38.04、0.74、0.55 百分点；而健株根际土的小丛壳目、被孢霉目、煤炱目、散囊菌

目、油壶菌目相对丰富度比病株根际土的分别多 21.07 百分点、5.28 百分点、6.38 百分点、4.49 百分点、1.67 百分点，且肉座菌目在菊花病健植株根际土目水平上的相对丰富度最高。

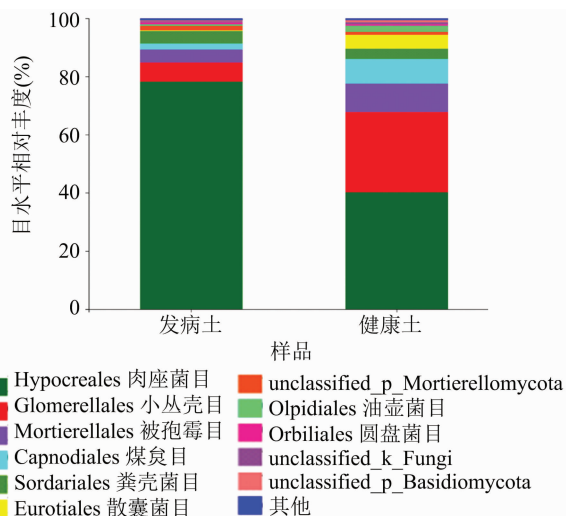


图4 菊花病株和健株根际土真菌目水平上的相对丰度

2.4.3 科水平群落组成 由图5可知，菊花病株根际土和健株根际土在科水平的主要菌群有肉座菌科 (Hypocreaceae)、小不整球壳科 (Plectosphaerellaceae)、被孢霉科 (Mortierellaceae)、枝孢霉科 (Cladosporiaceae)、毛壳菌科 (Chaetomiaceae)、丛赤壳科 (Nectriaceae)、曲霉科 (Aspergillaceae)、unclassified_p_Mortierellomycota、油壶菌科 (Olpidiaceae)、Hypocreales_fam_Incertae_sedis，在病株根际土的相对丰富度依次为 76.67%、6.58%、4.51%、2.07%、4.01%、1.37%、0.16%、1.62%、0.43%、0.09%，在健株根际土中相对丰富度依次为 33.95%、27.65%、9.79%、8.44%、2.99%、4.56%、4.52%、1.07%、2.10%、1.54%。病株根际土的肉座菌科、毛壳菌科、Unclassified_p_Mortierellomycota 相对丰富度比健株根际土的分别多 42.72、1.02、0.55 百分点；而健株根际土的小不整球壳科、被孢霉科、枝孢霉科、丛赤壳科、曲霉科、油壶菌科、Hypocreales_fam_Incertae_sedis 相对丰富度比病株根际土的分别多 21.07、5.28、6.37、3.19、4.36、1.67、1.45 百分点，且肉座菌科在菊花病健植株根际土科水平上的相对丰富度是最高的。

2.4.4 属水平群落组成 由图6可知，菊花病株根际土和健株根际土真菌菌群在属水平的主要菌群有木霉属、织球壳菌属、被孢霉属、枝孢属 (Cladosporium)、青霉菌属，在菊花病株根际土的相

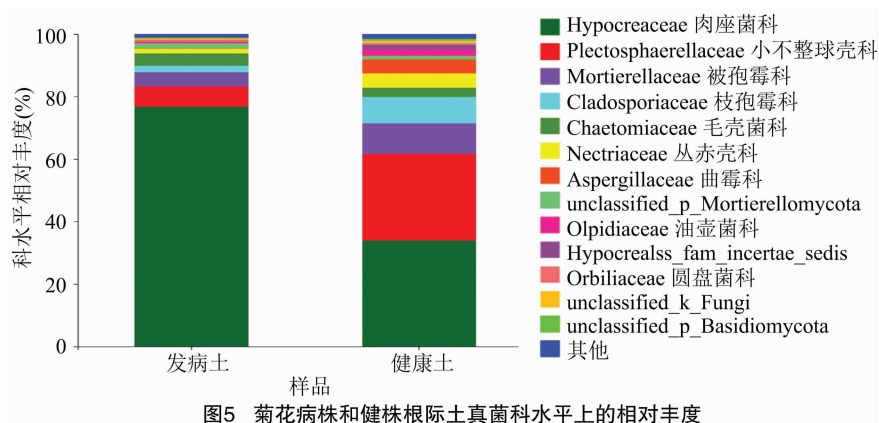


图5 菊花病株和健株根际土真菌科水平上的相对丰度

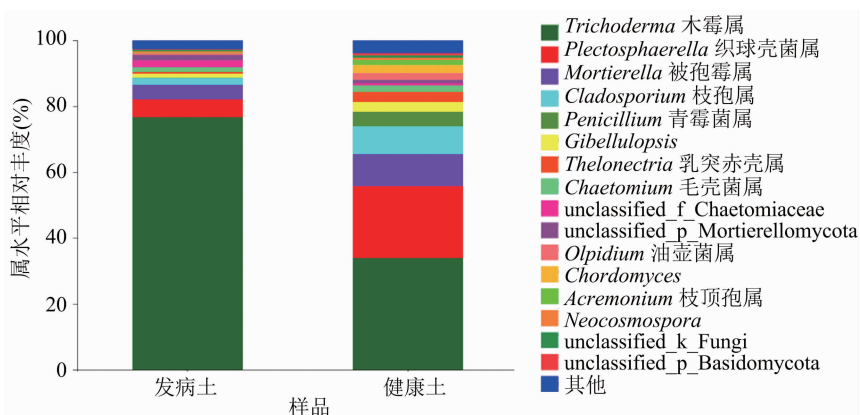


图6 菊花病株和健株根际土真菌属水平群落组成

对丰富度依次为 76.67%、5.38%、4.51%、2.07%、0.10%，在菊花健株根际土中相对丰富度依次为 33.94%、21.77%、9.79%、8.44%、4.37%，病株根际土的木霉属相对丰富度比健株根际土的多 42.73 百分点，而健株根际土的织球壳菌属、被孢霉属、枝孢属、青霉菌属相对丰富度比病株根际土的分别多 16.39、5.28、6.37、4.27 百分点，且木霉属在菊花病健植株根际土属水平上的丰富度是最高的。

2.4.5 种水平群落组成 由图 7 可知，菊花病株根际土和健株根际土真菌菌群在种水平的主要菌群有棘孢木霉、unclassified_g_Plectosphaerella、皱枝孢霉、英杜被孢霉、长形被孢霉 (*Mortierella elongata*)、*Penicillium pimiteouiense*，在病株根际土的相对丰富度依次为 74.87%、5.37%、2.06%、0.07%、2.69%、0.04%，在健株根际土中相对丰富度依次为 32.15%、21.77%、8.44%、6.11%、2.06%、4.18%，病株根际土的棘孢木霉、长形被孢霉相对丰富度比健株根际土的分别多 42.72%、0.63%，而健株根际土的 unclassified_g_Plectosphaerella、皱枝孢霉、英杜被孢霉、*Penicillium pimiteouiense* 相对丰富度比病株

根际土的分别多 16.40、6.38、6.04、4.14 百分点，且棘孢木霉在菊花病健植株根际土种水平上的相对丰富度最高。

2.5 基于 OTU 水平的真菌群落 PCoA 分析

由图 8 可知，PC1 和 PC2 分别解释 75.42%、14.24% 真菌群落差异性，可知菊花病株和健株根际土组内各点距离较近，组间各点距离相对较远，表明同组内的真菌群落结构相似度较高，而组间的真菌群落结构具有差异，同上述结论相似，菊花枯萎病对土壤微生物群落结构有一定影响。

3 讨论与结论

3.1 讨论

土壤微生物群落系统不仅是作物根际的结构要素，也是作物生长及病害防治的关键。土壤微生物群落多样性与土壤病害发生概率、植物健康存在密切关系，土壤微生物群落多样性是维持土壤生态功能的重要基础，其对有效维持土壤健康和抑制植物病害至关重要。吴照祥等研究认为，土壤是否健康不能简单地以真菌群落生物多样性来准确表示，

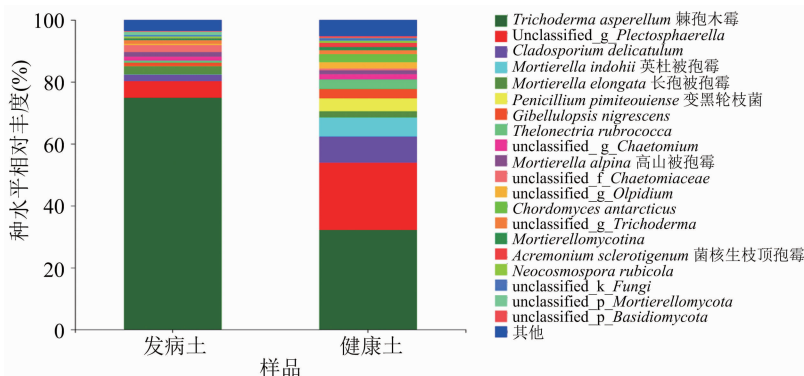


图7 菊花病株和健株根际土真菌种水平上的相对丰度

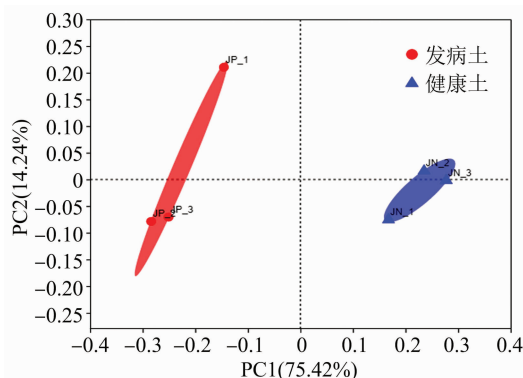


图8 菊花病株和健株根际土真菌群落 PCoA 分析图

其他重要指标(如土壤真菌群落的组成及丰度)也能够指示土壤健康状况^[20]。目前,关于土传病害导致的土壤微生物群落多样性发生改变存在不同的观点。部分学者及专家认为,健康植株根际土壤中真菌多样性显著高于感病植株土壤。刘海洋等对棉花黄萎病不同发病程度根际土壤真菌群落的研究表明,重病棉田土壤中真菌多样性低于轻病或健康棉田^[21]。李忠奎等研究发现,感染根结线虫病和黑胫病的土壤真菌多样性低于健康烟区植株土壤,而且在根际土壤微生物群落结构方面存在较大差别。又有部分学者认为,作物健株和作物病株的土壤真菌多样性差异不够明显,但相对于真菌群落组成有较大差别^[22]。宋旭红等研究认为,根腐病株与健康植株两者间根际土壤真菌多样性差异不明显,黄连健康植株土壤中的子囊菌门、担子菌门和壶菌门的相对丰度显著低于黄连根腐病株土壤,而黄连健康植株土壤中的接合菌门、球囊菌门的相对丰度则显著高于黄连根腐病株土壤^[23]。

本研究表明,菊花健康植株根际土壤的 ACE 指数比菊花发病植株高 37.48,同时菊花健康植株的 Chao 指数比菊花发病植株高 33.39,表明菊花病株根际土的真菌群落丰富度低于菊花健康植株;菊花健康植株 Shannon 指数比菊花感病植株高 0.988 9,

而 Simpson 指数比菊花感病植株低 0.29,也表明菊花健康植株根际土壤真菌群落多样性高于菊花感病植株根际土壤真菌群落。真菌群落组成结构分析发现:从纲水平来看,健康植株根际土真菌群落的优势菌纲是粪壳菌纲,其次是被孢霉纲、座囊菌纲、散囊菌纲;而菊花发病植株根际土真菌群落的优势菌纲也是粪壳菌纲,其次是被孢霉纲、座囊菌纲、unclassified_p_Mortierellomycota。从目水平看,菊花健康植株根际土真菌群落的优势菌目为肉座菌目,其次是小丛壳目、被孢霉目、煤炱目;而发病植株根际土真菌群落的优势菌目也是肉座菌目,其次是小丛壳目、被孢霉目、粪壳菌目。从科水平看:健康植株根际土真菌群落的优势菌科是肉座菌科,其次是小不整球壳科、被孢霉科、枝孢霉科;而发病植株根际土真菌群落的优势菌科也是肉座菌科,其次为小不整球壳科、被孢霉科、毛壳菌科。从属水平看:健康植株根际土真菌群落的优势菌属是木霉属,其次是织球壳菌属、被孢霉属、枝孢属、青霉菌属;而发病植株根际土真菌群落的优势菌属也是木霉属,其次是织球壳菌属、被孢霉属、枝孢属、青霉菌属。据有关研究报道,木霉属真菌是目前为止用于防治各种植物病害的生防菌中使用最为广泛、研究最深入的植物病原拮抗真菌^[24]。从种水平看:菊花健康植株根际土真菌群落的优势菌种是棘孢木霉,其次是 unclassified_g_Plectosphaerella、皱枝孢霉、英杜被孢霉;而发病植株根际土真菌群落的优势菌种也是棘孢木霉,其次是 unclassified_g_Plectosphaerella、皱枝孢霉、英杜被孢霉。有关研究表明,棘孢木霉是目前为止最实用的生物防治菌,其防治机制是通过竞争、重寄生、抗生等作用促进植物生长和协同拮抗等防治植物体土传病菌的危害^[25]。

此外,部分学者研究发现,健康植株的根际土壤微生物真菌多样性低于发病植株土壤。综上所述

述,作物病害的形成与土壤微生物群落的组成关系紧密而繁杂,结果则显示其改变土壤微生物群落组成,特别是病株根际土壤中增加了病原菌的数量或相对丰度。

3.2 结论

从各水平上看,各菌群在菊花植株健康或发病时期的丰富度都有着上升或下降的趋势,而菊花发病植株和健康植株根际土真菌群落的优势菌属和优势菌种都是木霉属和棘孢木霉,两者都是菊花植株生长发育有益微生物,且菊花病株的木霉属和棘孢木霉丰富度都大于菊花健康植株,这可能是病土里的病原菌多了之后,有益菌为了抑制病原菌的生长而大量繁殖,则需要以后进一步验证。本研究以嵩明县菊花种植基地采集的健康植株根际土和发病植株根际土为研究对象,通过 Illumina Miseq 高通量测序技术分析,菊花枯萎病对根际土壤真菌群落结构的影响。研究结果显示:健康菊花根际土的真菌群落多样性高于发病菊花,在其纲、目、科、属、种分类水平上的优势类群分别为粪壳菌纲、肉座菌目、肉座菌科、木霉属、棘孢木霉,且病株根际土的粪壳菌纲、肉座菌目、肉座菌科、木霉属、棘孢木霉相对丰富度均高于健株根际土。本研究结果表明,菊花健康植株与发病植株根际土壤真菌群落结构存在差异,明确了枯萎病的发生对菊花根际土壤微生物群落结构有一定影响,对菊花枯萎病防治有一定的理论与现实意义。

参考文献:

- [1]柯东文. 菊花枯萎病的诊断及防治技术[J]. 现代园艺,2007(4):26-27.
- [2]洪集侨. 菊花枯萎病的防治[J]. 福建农业,2003(10):23.
- [3]陈慧杰,赵爽,张凯凯,等. 菊花枯萎病病原菌的分离和鉴定及其粗毒素对切花菊‘神马’幼苗生长的影响[J]. 南京农业大学学报,2018,41(4):662-669.
- [4]孔维宝,霍焕燃,陈冬,等. 基于高通量测序技术分析武都油橄榄根际土壤微生物多样性[J]. 西北师范大学学报(自然科学版),2020,56(6):75-82.
- [5]李妍,徐兴祥. 高通量测序技术的研究进展[J]. 中国医学工程,2019,27(3):32-37.
- [6]孙嘉曼,韦弟,覃柳燕,等. 高通量测序技术在香蕉抗枯萎病研究中的应用[J]. 南方农业学报,2014,45(11):1921-1925.
- [7]陈菲菲,丛欣,向极钎,等. 应用 Illumina MiSeq 高通量测序技术分析董叶碎米茅根际土壤微生物多样性[J]. 湖北农业科学,2020,59(17):58-62,96.
- [8]周江鸿,夏菲,车少臣,等. 基于高通量测序技术研究黄栌根际土壤微生物多样性[J]. 园林科技,2019(3):25-31.
- [9]文永均,黄璜,马中刚,等. Illumina 高通量测序分析健康三七与患根腐病三七根际土和根内生真菌多样性[J]. 食品与发酵科技,2020,56(6):22-30.
- [10]Lagos L, Maruyama F, Nannipieri P, et al. Current overview on the study of bacteria in the rhizosphere by modern molecular techniques: a mini-review[J]. Journal of Soil Science and Plant Nutrition, 2015, 15(2):504-523.
- [11]Philippot L, Raaijmakers J M, Lemanceau P, et al. Going back to the roots: the microbial ecology of the rhizosphere[J]. Nature Reviews Microbiology, 2013, 11(11):789-799.
- [12]李雪萍,李建宏,漆永红,等. 青稞根腐病对根际土壤微生物及酶活性的影响[J]. 生态学报,2017,37(17):5640-5649.
- [13]刘银银,李峰,孙庆业,等. 湿地生态系统土壤微生物研究进展[J]. 应用与环境生物学报,2013,19(3):547-552.
- [14]史芳芳,李向泉. 葡萄根际土壤真菌群落多样性分析[J]. 中国农业科技导报,2019,21(7):47-58.
- [15]徐丽慧,曾蓉,高士刚,等. 土壤真菌多样性对土传病害影响的研究进展[J]. 上海农业学报,2017,33(3):161-165.
- [16]Rimé D, Nazaret S, Gourbière F, et al. Comparison of sandy soils suppressive or conducive to ectoparasitic nematode damage on sugarcane[J]. Phytopathology, 2003, 93(11):1437-1444.
- [17]Pérez-Piqueres A, Edel-Hermann V, Alabouvette C, et al. Response of soil microbial communities to compost amendments[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2006, 38(3):460-470.
- [18]马宁宁,李天来. 设施番茄长期连作土壤微生物群落结构及多样性分析[J]. 园艺学报,2013,40(2):255-264.
- [19]刘新月,李凡,陈海如,等. 致病性尖孢镰刀菌生物防治研究进展[J]. 云南大学学报(自然科学版),2008,30(增刊1):89-93.
- [20]吴照祥,郝志鹏,陈永亮,等. 三七根腐病株根际土壤真菌群落组成与碳源利用特征研究[J]. 菌物学报,2015,34(1):65-74.
- [21]刘海洋,王伟,张仁福,等. 黄萎病不同发生程度棉田土壤中的真菌群落特征分析[J]. 中国农业科学,2019,52(3):455-465.
- [22]李忠奎,凌爱芬,李红丽,等. 基于多样性测序对健康与易感病烟田根际土壤微生物群落分析[J]. 河南农业大学学报,2019,53(6):918-925.
- [23]宋旭红,谭均,李隆云,等. Illumina 高通量测序揭示黄连根腐根际土壤真菌群落组成及多样性[J]. 中草药,2018,49(22):5396-5403.
- [24]向立刚,周浩,汪汉成,等. 健康与感染青枯病烟株根际土壤与茎秆细菌群落结构与多样性[J]. 微生物学报,2019,59(10):1984-1999.
- [25]吴振强,戴瑞卿,赖宝春,等. 健康与感染枯萎病辣椒植株根际土壤真菌群落结构与多样性[J]. 现代农业科技,2020(7):184-187.