

健康与患根腐病草莓根际·非根际与根内古菌群落多样性

戴瑞卿, 赖宝春*, 吴振强, 曾天宝, 王家瑞 (福建省漳州市农业科学研究所, 福建漳州 363005)

摘要 [目的]分析健康与患根腐病草莓根际土壤、非根际土壤及根内古菌群落结构与多样性。[方法]运用 Illumina MiSeq 高通量测序技术, 分别对根际土壤、非根际土壤及根内古菌 16S rRNA 基因的 V3~V4 区进行扩增并测序, 分析健康与患根腐病草莓不同部位古细菌群落结构与多样性。[结果]健康组共鉴定出 11 个门、19 个纲、25 个目、29 个科、43 个属, 患根腐病组共鉴定出 11 个门、20 个纲、27 个目、32 个科、47 个属。门水平上, 所有土壤样品的优势古菌门均为奇古菌门(Thaumarchaeota)、广古菌门(Euryarchaeota)和乌斯古菌门(Woearchaeota), 所有根内样品优势古菌门均为奇古菌门和广古菌门; 患根腐病草莓根际和非根际土壤的奇古菌门相对丰度均低于健康草莓, 广古菌门和乌斯古菌门相对丰度均高于健康草莓, 患根腐病草莓根内样品的奇古菌门和广古菌门相对丰度均低于健康草莓。属水平上, 所有土壤样品的优势属均为亚硝化球菌属(*Nitrososphaera*)、亚硝化侏儒菌属(*Nitrosopumilus*)和 *Methanomassiliicoccus* 属, 患根腐病草莓根际土壤亚硝化球菌属相对丰度比健康减少 9.27 个百分点, 非根际土壤亚硝化球菌属相对丰度比健康减少 9.87 个百分点; 所有根内样品的优势属均为亚硝化球菌属和甲烷孢菌属(*Methanocella*), 亚硝化球菌属相对丰度比健康增加 15.13 个百分点。[结论]健康与患根腐病草莓根际土壤、非根际土壤及根内样品古菌群落组成差异明显, 说明草莓根腐病的发生与根际土壤、非根际土壤以及根内古菌群落结构改变密切相关。

关键词 草莓; 根腐病; 古菌群落结构; 多样性; 高通量测序

中图分类号 S436.5 文献标识码 A

文章编号 0517-6611(2022)02-0147-04

doi: 10.3969/j.issn.0517-6611.2022.02.039



开放科学(资源服务)标识码(OSID):

Archaea Community Diversity in Rhizosphere, Non-rhizosphere and Root Tissue of Healthy and Root Rot Strawberry Plants

DAI Rui-qing, LAI Bao-chun, WU Zhen-qiang et al (Zhangzhou Institute of Agricultural Sciences of Fujian Province, Zhangzhou, Fujian 363005)

Abstract [Objective] To analyze the archaea community structure and diversity of healthy and root rot strawberry in rhizosphere soil, non-rhizosphere soil and root tissue. [Method] The V3-V4 region of the archaea 16S rRNA gene in rhizosphere soil, non-rhizosphere soil and root tissue was amplified, and the amplified fragments were sequenced by Illumina MiSeq high-throughput sequencing technology. [Result] Healthy and root rot strawberry group samples got 11 phyla, 19 classes, 25 orders, 29 families, 43 genera and 11 phyla, 20 classes, 27 orders, 32 families, 47 genera, respectively. Thaumarchaeota, Euryarchaeota and Woearchaeota were the dominant phyla in all soil sample, Thaumarchaeota and Euryarchaeota were the dominant phyla in all root tissue. Compared with healthy strawberry plants, the relative abundance of Thaumarchaeota in rhizosphere and non-rhizosphere soil of root rot strawberry plant was generally lower, Euryarchaeota and Woearchaeota was generally greater. The relative abundance of Thaumarchaeota and Euryarchaeota in root tissue of root rot strawberry plant was generally lower than healthy plants. The dominant genera in all soil samples were *Nitrososphaera*, *Nitrosopumilus* and *Methanomassiliicoccus*. *Nitrososphaera* and *Methanocella* were the dominant genera in all root tissue samples. Compared with healthy strawberry plants, the relative abundance of *Nitrososphaera* in rhizosphere and non-rhizosphere soil was 9.27 and 9.87 percentage point lower, respectively, which in root tissue was 15.13 percentage point higher. [Conclusion] There were significant differences in archaea community composition of rhizosphere soil, non-rhizosphere soil and root tissue from healthy and rootrot strawberry. Occurrence of strawberry rootrot was closed to the variation of archaea community structure in field soil and root tissue.

Key words Strawberry; Root rot; Archaea community; Diversity; High-throughput sequencing

草莓具有较高的营养价值和经济价值, 素有“水果皇后”之称^[1]。据统计, 1994—2016 年, 我国草莓种植面积和产量逐年增加, 规模逐渐扩大, 产量稳居世界首位^[2]。随着产业的发展, 草莓根部病害逐年加重, 由土传病原真菌引起的根腐病是最重要的草莓根部病害之一^[3]。根腐病类型多样、病原菌复杂, 目前报道的草莓根腐病病原物已有 20 多种, 如丝核菌属(*Rhizoctonia*)、镰刀菌属(*Fusarium*)、拟盘多毛孢属(*Pestalotiopsis*)、疫霉属(*Phytophthora*)等, 是一种较难防治的土传病害, 严重制约草莓产业的正常发展^[4-7]。

土壤作为微生物群落的“种子库”, 是植物内生菌的最初来源; 土壤微生物作为生命元素循环的驱动者, 主导和参与地下生态系统中一系列重要生态过程, 对土壤能否正常有序地执行各项生态功能至关重要; 根际作为植物-土壤生态系

统物质交换的一个界面, 是根系-土壤-微生物三者紧密结合并相互交流的场所; 植物组织作为特化性更强的环境, 与其共存的微生物群落、植物生长发育密切相关^[8-10]。土壤和植物内生微生物的多样性能够影响植物病害的发生, 微生物既可以通过养分竞争和拮抗作用等抑制病原菌的繁殖, 促进植物生长, 也可以通过病原菌的积累导致植株死亡^[5]。因此, 分析健康与患根腐病草莓根际土壤、非根际土壤及根内组织古菌群落结构和多样性的变化, 对了解草莓根腐病发生的原因及提供相应的防治措施具有重要意义。高通量测序技术可以准确、全面地反映样本的微生物群落结构, 该项技术已被广泛运用于土壤和植物内生微生物的研究^[10]。笔者通过高通量测序技术分析健康与患根腐病草莓根际土壤、非根际土壤及根内组织古菌群落结构和多样性, 了解草莓根腐病发生与古菌群落结构改变的关系, 为探究草莓根腐病的发生机制、有效防控草莓根腐病提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 样品采集 2020 年 3 月, 于福建省漳州市颜厝镇草莓

基金项目 福建省科技计划项目(2019N0201)。

作者简介 戴瑞卿(1990—), 女, 福建漳浦人, 研究实习员, 硕士, 从事植物病害综合防控研究。* 通信作者, 副研究员, 硕士, 从事植物病害综合防控研究。

收稿日期 2021-05-19

种植基地(116°41'03"E,39°91'01"N),选取草莓根腐病暴发严重的草莓种植地进行样品采集。样品采集方法参照向立刚等^[11]进行,患根腐病草莓植株根际土壤组样品编号为DJTa、DJTb、DJTc,患根腐病草莓植株非根际土壤组样品编号为DQTa、DQTb、DQTc,患根腐病草莓根内组样品编号为DGA、DGB、DGC;健康草莓根际土壤组样品编号为HJTa、HJTb、HJTc;健康草莓非根际土壤组样品编号为HQTa、HQTb、HQTc;健康草莓根内组样品编号为HGa、HGb、HGc。所有样品置入低温冷藏箱,并迅速带回实验室,-80℃冰箱保存、备用。

1.2 样品DNA提取、PCR扩增和高通量测序 称取500 mg充分混匀的土壤样品,采用E.Z.N.ATM Mag-Bind Soil DNA Kit(OMEGA)提取土壤样品DNA。采用DNeasy Plant miniKit(Qiagen)提取根内样品DNA。利用Qubit 3.0荧光定量仪对DNA浓度精确定量。以样品DNA为模板,进行3轮PCR扩增,第一轮PCR引物为GU1ST-340F(5'-CCCTAYGGGGYGCASCAG-3')和GU1ST-1000R(5'-GGCCATGCACYWCYTCTC-3'),PCR扩增体系为30 μL(15 μL 2×Hieff Robust PCR Master Mix,10 μmol/L的Primer F和Primer R各1 μL,10~20 ng DNA);第二轮PCR引物为V3~V4区通用引物349F(5'-GYGCASCAGKCGMGAAW-3')和806R(5'-GGACTACVSGGGTATCTAAT-3'),PCR扩增体系为30 μL(15 μL 2×Hieff Robust PCR Master Mix,10 μmol/L的Bar-PCR Primer 341F和Primer R各1 μL,10~20 ng DNA);第三轮PCR扩增引入Illumina桥式PCR兼容引物,PCR扩增体系为30 μL(15 μL 2×Hieff Robust PCR Master Mix,10 μmol/L的Primer F和Index-PCR Primer R各1 μL,10~20 ng DNA)。PCR反应程序:94℃预变性3 min;5个循环(94℃变性30 s,45℃退火20 s,65℃延伸30 s),20个循环(94℃变性20 s,55℃退火20 s,72℃延伸30 s),72℃延伸5 min,10℃保存。PCR产物采用琼脂糖试剂盒回收,用Qubit 3.0 DNA检测试剂盒对回收的DNA精确定量,按1:1等量混合后,采用Illumina公司的HiSeq 2500平台测序进行高通量测序。

1.3 测序数据处理与分析 利用Cutadapt、PEAR(version

0.9.8)、PRINSEQ(version 0.20.4)等软件对Illumina Miseq测序获得的序列进行质控和过滤,得到各样本的高质量序列。利用Usearch软件(version 11.0.667),按照97%相似性对非重复序列(不含单序列)进行OTU聚类。采用RDP classifier贝叶斯算法(version 2.12)对97%相似度水平的OTU代表序列进行分类学分析,统计各个样品的菌落组成,绘制不同分类水平上古菌类群的相对丰度图。利用Mothur(version 1.43.0)软件计算各样本的Chao、Ace、Shannon、Simpson、Shannoneven指数,分析样本古菌的Alpha多样性。利用R软件绘制不同分类的相对丰度热图。

2 结果与分析

2.1 测序数据和OTU聚类分析 患根腐病组草莓不同部位的9个样品共获得627 774条高质量序列片段,健康草莓组不同部位的9个样品共获得609 133条高质量序列片段。在97%相似度水平对样品序列进行OTU聚类,健康草莓组3个不同部位样品共鉴定出古菌11个门、19个纲、25个目、29个科、43个属、251个OTU;患根腐病草莓组3个不同部位样品共鉴定出古菌11个门、20个纲、27个目、32个科、47个属、231个OTU(表1)。Venn图分析结果表明(图1),OTU水平上,健康组与患根腐病组草莓根际土壤、非根际土壤、根内样品之间的古菌种类都较为接近,其共有的OTU种类均远高于2组样品独有的种类。

稀释曲线(rarefaction curve)分析(图2)表明,健康与患根腐病草莓根际土壤、非根际土壤及根内样品的稀释曲线随着测序量的增大,物种数量趋于平缓,达到饱和,且2组草莓各部位样品覆盖率指数(coverage index)均在0.990 0以上,说明该次测序结果能够代表样本的真实情况,测序结果合理。对健康与患根腐病草莓根际土壤、非根际土壤和根内样品α多样性分析(表2),结果表明,患根腐病草莓根际土壤古菌群落丰富度、多样性和均匀度均低于健康草莓;患根腐病草莓非根际土壤古菌群落丰富度和多样性低于健康草莓,均匀度高于健康草莓;患根腐病草莓根内样品古菌群落丰富度、多样性和均匀度均高于健康草莓。

2.2 古菌群落组成分析 门水平上,健康与患根腐病草莓根

表1 健康与患根腐病草莓各部位古菌群落不同分类水平数量

Table 1 The total amount of archaea communities in different parts of healthy and root rot strawberry plants at different taxonomic levels

类型 Type	组别 Group	门 Phylum	纲 Class	目 Order	科 Family	属 Genus	OTU
患病 Diseased	DG	9	16	20	24	14	44
	DJT	7	10	16	19	25	187
	DQT	9	13	19	23	26	181
	总计	11	20	27	32	47	231
健康 Healthy	HG	9	17	21	24	17	61
	HJT	8	14	19	23	29	186
	HQT	7	11	17	20	25	187
	总计	11	19	25	29	43	251

际和非根际土壤的优势门均为奇古菌门(Thaumarchaeota)、广古菌门(Euryarchaeota)和乌斯古菌门(Woeseearchaeota),健康与患根腐病草莓根内样品的优势门均为奇古菌门和广古

菌门。患根腐病草莓根际土壤奇古菌门相对丰度69.25%,较健康草莓减少11.44个百分点,广古菌门相对丰度3.44%,较健康草莓增加0.14个百分点,乌斯古菌门相对丰度2.89%,较健康

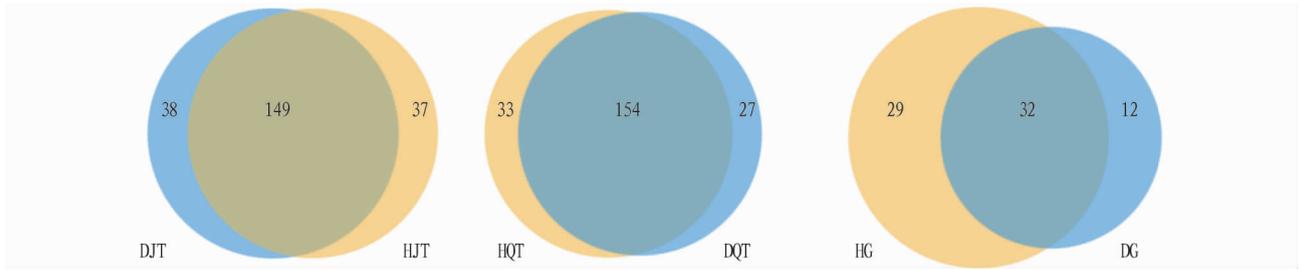


图 1 健康与患根腐病草莓不同部位古菌群落 Venn 图

Fig.1 Venn diagram of archaea communities in different parts of healthy and root rot strawberry plants

草莓增加 0.39 百分点;患根腐病草莓非根际土壤奇古菌门相对丰度 73.31%,较健康草莓减少 6.88 百分点,广古菌门相对丰度 4.49%,较健康草莓增加 1.09 百分点,乌斯古菌门相对丰度 4.03%,较健康草莓增加 2.79 百分点;患根腐病草莓根内样品奇古菌门相对丰度 93.32%,较健康草莓减少 2.36 百分点,广古菌门相对丰度 2.49%,较健康草莓减少 0.76 百分点(图 3)。

属水平上,健康与患根腐病草莓根际土壤的优势属均为亚硝化球菌属(*Nitrososphaera*) (74.86%、65.59%)、亚硝化侏儒菌属(*Nitrosopumilus*) (1.26%、2.54%)和 *Methanomassiliicoccus* 属(1.35%、1.52%);健康与患根腐病草莓非根际土壤的优势属均为亚硝化球菌属(69.06%、59.19%)、亚硝化侏儒菌属(1.58%、7.24%)、*Methanomassiliicoccus* 属(1.39%、1.36%)和甲烷孢菌属(*Methanocella*) (1.02%、0.74%);健康与患根腐

病草莓根内样品的优势属均为亚硝化球菌属(78.19%、93.32%)和甲烷孢菌属(1.54%、2.37%)(图 4)。

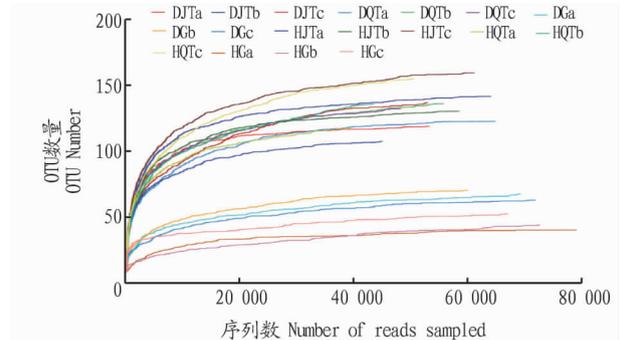


图 2 Alpha 指数稀释性曲线

Fig.2 Alpha index dilution curve

表 2 不同组别古菌群落 Alpha 多样性指数

Table 2 Alpha diversity index between different groups

样品组 Groups	Ace 指数 Ace index	Chao 指数 Chao index	Shannon 指数 Shannon index	Simpson 指数 Simpson index	Shannoneven 指数 Shannoneven index	覆盖率指数 Coverage index
HG	49±13	46±12	1.48±0.76	0.317±0.183	0.395±0.187	0.999 9±0.000 0
HJT	140±26	143±22	2.60±0.19	0.150±0.039	0.533±0.036	0.999 7±0.000 0
HQT	150±17	152±18	2.37±0.32	0.196±0.098	0.483±0.070	0.999 5±0.000 0
DG	79±14	76±12	1.70±0.29	0.301±0.073	0.411±0.074	0.999 8±0.000 0
DJT	138±14	136±13	2.39±0.39	0.192±0.104	0.489±0.081	0.999 8±0.000 0
DQT	138±48	138±48	2.52±0.80	0.142±0.097	0.518±0.160	0.999 7±0.000 1

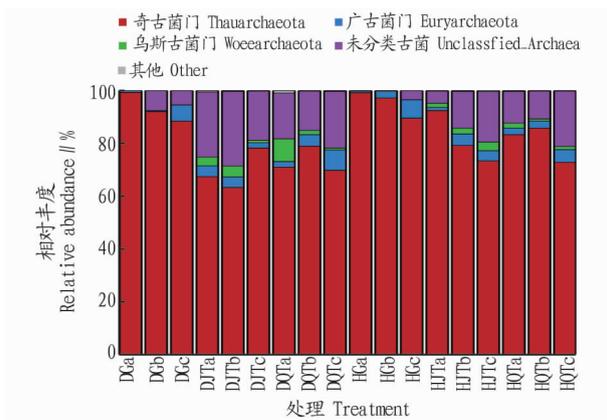


图 3 不同组别样品门水平上的相对丰度

Fig.3 The relative abundance of different samples at Phylum level

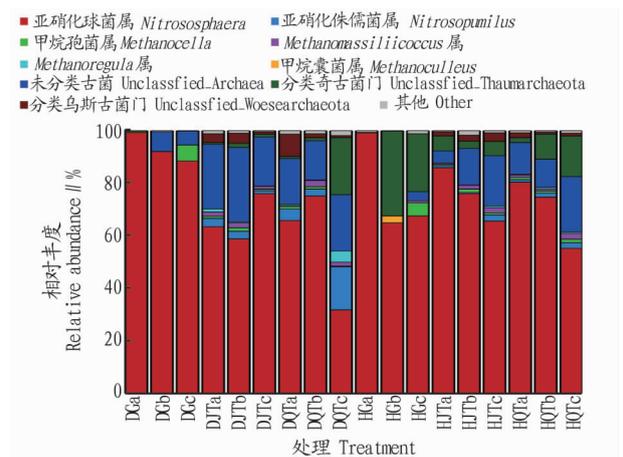


图 4 不同组别样品属水平上的相对丰度

Fig.4 The relative abundance of different samples at Genus level

2.3 群落聚类分析 通过聚类,可以将高丰度和低丰度的分类单元区分,并以颜色梯度反映样品之间的群落组成相似度。绘制各样品前10个属的相对丰度热图(图5)。土壤和根内样品的古菌群落结构差异较大,根据进化关系聚类为四大支,其中健康与患根腐病草莓根际和非根际土壤 HJTc、

HQTc、DJTa、DJTb、DQTa、DQTc 聚为一支,而 HJTb、HQTa、HQTb、DJTc、DQTb 聚为一大支;根内样品 DGa、DGb、DGc 和 HGa 聚为一支,健康根内样品 HGb 和 HGc 聚为一支。土壤和根内样品分别被聚为两大支,说明根际和非根际土壤与根内古菌群落结构差异较大。

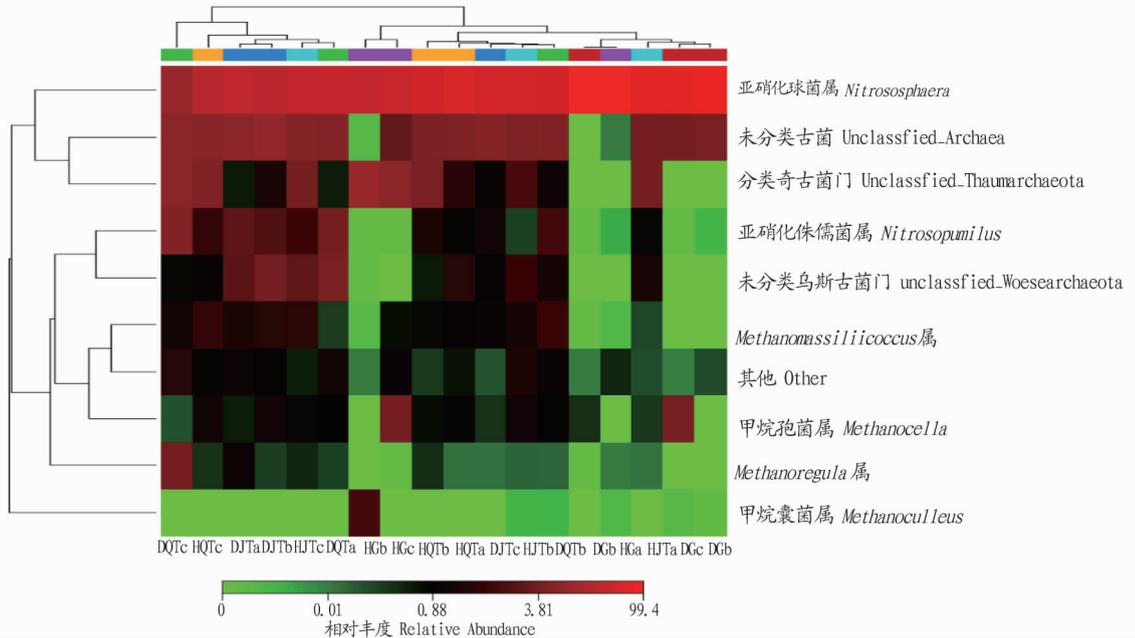


图5 属水平上的相对丰度热图

Fig.5 Heatmap of the relative abundance of genera identified in each sample

3 结论与讨论

该研究采用 Illumina HiSeq 高通量测序技术对健康与患根腐病草莓根际土壤、非根际土壤及根内样品古菌群落结构和多样性进行分析,结果健康组和患根腐病组分别获得 609 133、627 774 条高质量序列。该研究用于后续分析的有效序列众多,稀释曲线随着测序量的增大,物种数量趋于平缓,达到饱和,说明使用该方法分析健康与患根腐病草莓土壤及根内样品古菌群落结构和多样性具有可行性。

土壤微生物区系与植物根系的生长和代谢密切相关,对植物营养元素的供给和植物健康的维持发挥着重要作用^[5,12]。该研究对健康与患根腐病草莓根际土壤、非根际土壤和根内样品古菌多样性分析表明,患根腐病草莓根际和非根际土壤古菌群落丰富度、多样性均低于健康草莓,患根腐病草莓根内样品古菌群落丰富度和多样性高于健康草莓,与杨俊誉等^[2]对草莓白粉病的研究结果一致,表明草莓根腐病的发生与根际土壤、非根际土壤及根内古菌群落结构组成的变化密切相关。

奇古菌门、广古菌门和乌斯古菌门为健康与患根腐病草莓根际和非根际土壤的优势门,而健康与患根腐病草莓根内样品的优势门为奇古菌门和广古菌门,其中奇古菌门占绝对优势,不同组别的相对丰度在 69.25%~95.68%,与前人研究结果一致^[2,13]。该研究中健康与患根腐病草莓根际和非根际土壤的优势属为亚硝化球菌属、亚硝化侏儒菌属和 *Methanomassiliicoccus* 属,健康与患根腐病草莓根内样品的优势属

为亚硝化球菌属和甲烷孢菌属,其中亚硝化球菌属在所有样品中占绝对优势,不同组别的相对丰度在 59.19%~93.32%。患根腐病草莓根际土壤亚硝化球菌属相对丰度比健康减少 9.27 个百分点,亚硝化侏儒菌属相对丰度比健康增加 1.28 百分点;非根际土壤亚硝化球菌属相对丰度比健康减少 9.87 百分点,亚硝化侏儒菌属相对丰度比健康增加 5.66 百分点;根内样品亚硝化球菌属相对丰度比健康增加 15.13 百分点。研究表明,亚硝化球菌属与酸性土壤的氨氧化作用密切相关,是酸性土壤硝化作用的重要驱动者,主要通过增加个别微生物物种的丰度调控土壤酸化程度^[14-16]。患根腐病草莓根际和非根际土壤亚硝化球菌属相对丰度明显减少,可能是草莓发生根腐病的原因,而患根腐病草莓根内样品亚硝化球菌属相对丰度明显增加,可能是因为根腐病菌的侵染破坏草莓根系组织,降低草莓自身防御能力,导致根际和非根际土壤中的亚硝化球菌属向地表的根内迁移^[17]。亚硝化侏儒菌属可以将氨氧化成亚硝酸盐,通过氨氧化、亚硝酸盐氧化和反硝化作用,完成氮的循环,在全球氮循环中具有重要作用^[18-19]。亚硝化球菌属和亚硝化侏儒菌属均为氨氧化古菌^[20],患根腐病草莓根际和非根际土壤中的亚硝化球菌属相对增加,而亚硝化侏儒菌属相对丰度减少,说明亚硝化球菌属和亚硝化侏儒菌属可能存在竞争关系,但相关理论还需进一步研究。

该研究结果表明,草莓根腐病的发生与根际土壤、非根际土壤和根内古菌群落结构和多样性的改变密切相关,尤其

(下转第 156 页)

在种子上能立即固化成膜为种衣,且种衣剂在土中遇水只能吸胀而几乎不被溶解,以保证种子正常发芽生长而药肥缓慢释放^[8-9]。拌种是一种行之有效的害虫防治方法,可用于花

生、玉米、小麦等多种作物,不仅可减少生长期病虫害的种群基数、减少污染、保护天敌,同时若使用方法适当,还可补充作物所必需的微量元素,对作物具有一定增产作用^[10]。

表5 种衣剂对小麦产量的影响(5月28日)

Table 5 Effect of seed coating on wheat yield

处理 Treatment	药剂 Pesticide	制剂用量 Pesticide dosage of preparation mL/100 kg 种子	1 m ² 麦穗数 Ears of wheat per square meter	单穗麦粒数 Grains per panicle	千粒重 1 000-grain weight//g	产量 Yield kg/hm ²	增产率 Yield increase rate//%
①	21%吡·戊	200	374.67	39.75 a	48.75 aA	7 250.25 aA	38.83
②	21%吡·戊	400	452.33	39.21 a	46.80 aA	8 237.40 aA	57.73
③	21%吡·戊	600	332.33	41.35 a	50.15 aA	6 890.10 aA	31.93
④	52%苯醚·咯·吡虫	200	395.33	40.85 a	47.58 aA	7 567.05 aA	44.89
⑤	52%苯醚·咯·吡虫	400	460.00	35.85 a	45.72 aA	7 503.75 aA	43.68
⑥	52%苯醚·咯·吡虫	600	434.33	40.20 a	47.07 aA	7 980.75 aA	52.81
⑦	CK	—	357.33	37.53 a	36.80 bB	5 222.55 bB	0.00

注:同列不同小写字母表示不同处理间差异显著($P < 0.05$);不同大写字母表示差异极显著($P < 0.01$)

Note: Different small letters in the same column indicated extremely significant difference between different treatments ($P < 0.05$); different capital letters indicated extremely significant difference ($P < 0.01$)

该试验结果表明,种子包衣可提高种子发芽率,并增加小麦分蘖;各处理从低剂量到高剂量均无药害的表现,对小麦生长安全。种子包衣剂具有内吸性,有利于培育壮苗,增强抗逆能力;提高千粒重,增产作用非常明显。种子包衣减少农药在环境中的扩散,提高药剂的利用率;对大气、土壤无污染,有利于环境保护。

参考文献

- [1] 来有鹏,张登峰,尹姣,等.五种类型农药不同剂量与施药时期对麦蚜防治效果及麦粒农药残留的影响[J].应用昆虫学报,2011,48(6):1688-1698.
- [2] 刘爱芝,李素娟,韩松.吡虫啉拌种对小麦蚜虫的控制效果及增产作用研究初报[J].河南农业科学,2005,34(11):63-64.
- [3] 党志红,李耀发,潘文亮,等.高占林吡虫啉拌种防治小麦蚜虫技术及安

全性研究[J].应用昆虫学报,2011,48(6):1676-1681.

- [4] 王汉芳,季书琴,李向东,等.10.4%吡虫啉·烯啶醇悬浮种衣剂对小麦蚜虫和纹枯病的防治效果[J].麦类作物学报,2012,32(4):799-804.
- [5] 钱宏霞,谢加飞,朱杰.苯醚甲环唑·吡虫啉拌种控虫防病效果及其对小麦生长的影响[J].安徽农业科学,2018,46(26):134-136,149.
- [6] 任美凤,董晋明,李大琪,等.不同种衣剂对华北大黑鳃金龟幼虫的防治效果及解毒酶活性的影响[J].植物保护,2021,47(2):128-134.
- [7] 肖大正,黄向荣,陈萍,等.2.5%适乐时悬浮种衣剂防治花生茎枯病药效试验[J].广西植保,2003,16(2):9-10.
- [8] 吴学宏,刘西莉,王红梅,等.我国种衣剂的研究进展[J].农药,2003,42(5):1-5.
- [9] 陈泽南,邹甜,王志伟,等.种衣剂防病虫害的研究进展[J].安徽农业科学,2018,46(32):10-13.
- [10] 刘秀丽,雷逢进,刘庆华,等.药剂拌种对小麦地下害虫及蚜虫的防治效果[J].山西农业科学,2015,43(7):874-876.

(上接第150页)

是亚硝化球菌属和亚硝化依儒菌属相对丰度的改变对草莓根腐病的发生有重要的影响,为探究草莓根腐病的发生机制、有效防控草莓根腐病提供科学的指导作用。

参考文献

- [1] 雷白时,王笑颖,姜军坡,等.草莓根腐病生防芽孢杆菌的筛选鉴定与盆栽防效试验[J].河北农业大学学报,2016,39(3):19-22.
- [2] 杨俊誉,魏世杰,苏代发,等.温室中患白粉病与健康草莓植株根际原核生物群落的比较研究[J].西南农业学报,2020,33(1):85-91.
- [3] 朱晓琴,宋自力,裴冬丽.河南省商丘市草莓根腐病原菌的分离和鉴定[J].植物保护学报,2017,44(2):349-350.
- [4] 刘双,赵晓燕,杨瑞,等.3株拮抗细菌对草莓根腐病菌 C16-4 的抑菌作用[J].北京农学院学报,2015,30(1):31-35.
- [5] 杨光柱,黄文静,李云国,等.苹果根腐病根际土壤真菌组成及多样性研究[J].果树学报,2020,37(6):875-881.
- [6] 盛茹媛,肖长坤,郑书恒,等.镰刀菌引起的北京市草莓根腐病原鉴定[J].中国蔬菜,2012(12):52-56.
- [7] 李丽艳,朱瑞艳,杜迎辉,等.微生物肥料对草莓根腐病防治效果及对根际土壤微生物群落多样性的影响[J].安徽农业科学,2018,46(33):111-113.
- [8] 张林华,方千,贾红梅,等.川芎非根际、根际及根茎内生真菌群落差异分析[J].生物技术通报,2021,37(4):56-69.
- [9] 贺纪正,李晶,郑袁明.土壤生态系统微生物多样性-稳定性关系的思考[J].生物多样性,2013,21(4):412-421.

- [10] 蒋景龙,余妙,李丽,等.西洋参根腐病发生与根际土壤细菌群落结构变化关系研究[J].中草药,2018,49(18):4399-4407.
- [11] 向立刚,郭华,周浩,等.健康与感染青枯病烟株根际土壤与茎秆真菌群落结构与多样性[J].植物保护,2020,46(1):189-196,228.
- [12] 张瑞福,沈其荣.抑腐型土壤的微生物区系特征及调控[J].南京农业大学学报,2012,35(5):125-132.
- [13] 黄备,王婕妤,魏娜,等.滨海化工园区海域沉积物古菌多样性及其影响因素研究[J].海洋环境科学,2020,39(4):593-599.
- [14] 李文兴,郑曼曼,王超,等.亚硝化球菌属(*Nitrososphaera*)可能是酸性土壤硝化作用的重要驱动者[J].土壤,2021,53(1):13-20.
- [15] WANG B Z, ZHENG Y, HUANG R, et al. Active ammonia oxidizers in an acidic soil are phylogenetically closely related to neutrophilic archaeon [J]. Applied and environmental microbiology, 2014, 80(5):1684-1691.
- [16] ZHANG M M, ALVES R J E, ZHANG D D, et al. Time-dependent shifts in populations and activity of bacterial and archaeal ammonia oxidizers in response to liming in acidic soils [J]. Soil biology and biochemistry, 2017, 112:77-89.
- [17] 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.
- [18] 高志远.深海环境微生物多样性和超深渊海参肠道微生物的代谢潜能研究[D].青岛:自然资源部第一海洋研究所,2020.
- [19] 刘青,谢运标,陈逍遥,等.东太平洋海隆深海热液区沉积物古菌多样性分析[J].应用海洋学学报,2014,33(4):516-524.
- [20] 曹子敏.不同水肥管理对设施蔬菜土壤氮循环功能微生物的影响[D].北京:中国地质大学,2019.