果 树 学 报 2026,43(8):2191-2206
Journal of Fruit Science

DOI:10.13925/j.cnki.gsxb.20250599

叶枯病抗性与易感李品种植株根际土壤微生物群落结构比较

殷 彦[1],颜 政[1],陈 肯[1],黄海东[1],卢可欣[1],廖黎媛[1],杨尚东[1],罗瑞鸿[2*]

([1]广西大学农学院·广西农产品安全重点实验室·植物科学国家级实验教学示范中心,南宁 530004;[2]广西农业科学院园艺研究所,南宁 530007)

摘 要:【目的】揭示李树叶枯病抗性差异的根际微生物学机制,为李树叶枯病生态防控及拮抗微生物筛选提供理论依据。**【方法】**以广西天峨县同一果园中抗叶枯病品种蜜黄李(TA)和易感品种珍珠李(TB)根际土壤为试材,采用高通量测序技术分析其根际细菌和真菌群落结构差异,并结合COG和FUNGuild功能注释探讨其潜在功能。**【结果】**TA根际细菌群落中Verrucomicrobiota门及*Bradyrhizobium*、*Bacillus*等优势菌属显著富集,相关功能主要涉及细胞运动、次级代谢产物合成及能量转化;真菌群落中*Trichoderma*等拮抗真菌丰度较高。而TB根际以*Fusarium*、*Gibberella*等潜在植物病原菌为主,功能偏向病原性和植物残体分解。**【结论】**抗病品种蜜黄李的根际微生物群落在结构与功能上协同增强宿主抗病性,特征微生物可能在叶枯病自然抑制过程中发挥重要作用。本研究结果为李树叶枯病绿色防控提供了科学依据。

关键词:李树;叶枯病;根际微生物群落;拮抗微生物

中图分类号:S662.3 **文献标志码:**A **文章编号:**1009-9980(2026)08-2191-16

Comparative analysis of rhizosphere microbial community structure in leaf blight-resistant and -susceptible plum cultivars

Yin Yan[1], Yan Zheng[1], Chen Ken[1], Huang Haidong[1], Lu Kexin[1], Liao Liyuan[1], Yang Shangdong[1], Luo Ruihong[2*]

([1]College of Agriculture, Guangxi University/Guangxi Key Laboratory for Agro-Products Safety/National Experimental Teaching Demonstration Center for Plant Science, Nanning 530004, Guangxi, China; [2]Institute of Horticultural Research, Guangxi Academy of Agricultural Sciences, Nanning 530007, Guangxi, China)

Abstract:【Objective】Plum (*Prunus salicina* Lindl.), a woody plant of the Rosaceae family, is rich in organic acids, vitamins, carotenoids, proteins, and mineral elements such as iron and calcium. The Zhenzhu Li plum cultivated in Tian'e County, Guangxi, is an important local economic crop. However, leaf blight severely affects its yield and fruit quality, posing a major challenge to the sustainable development of the plum industry. Field observations revealed that the Mihuang Li cultivar exhibits strong resistance to leaf blight, whereas Zhenzhu Li is susceptible. This study aims to compare the rhizosphere microbial community compositions as well as the functional differences between the resistant (Mihuang Li, TA) and susceptible (Zhenzhu Li, TB) cultivars under the same environmental conditions, aiming to elucidate the mechanisms underlying the high disease resistance of Mihuang Li and to identify potential antagonistic microorganisms, thus providing theoretical and technical support for developing an ecological control system against plum leaf blight.【Methods】The experiment was conducted in a Zhenzhu Li plum orchard in Tian'e County, Hechi City, Guangxi. Rhizosphere soil samples were collected from

收稿日期:2025-11-07 **接受日期:**2026-01-21

基金项目:高山果树优异品种引进与栽培技术研究(2015JZ100);广西天峨珍珠李试验站项目(TS202619);广西壮族自治区农业科学院基本科研业务专项(桂农科2021YT048);广西壮族自治区农业科学院科技先锋队特色果树专项行动(桂农科盟202304)

作者简介:殷彦,男,在读硕士研究生,研究方向为根际微生物。E-mail:2363947287@qq.com

***通信作者** Author for correspondence. E-mail:luoruihong@gxaas.net

three healthy trees per cultivar (TA and TB) around the canopy drip line in four directions. Samples were processed for DNA extraction, and high-throughput sequencing of bacterial 16S rRNA (V3-V4 region) and fungal ITS regions was performed on the Illumina MiSeq PE300 platform (Majorbio Bio-Pharm Technology Co., Ltd., Shanghai, China). PCR amplicons were purified, quantified, and sequenced (2 × 300 bp). Data were analyzed using QIIME for diversity metrics, PICRUSt2 for COG-based bacterial functions, FUNGuild for fungal guilds, and IBM SPSS Statistics 21 for statistical comparisons (Duncan's multiple range test, $P<0.05$). 【Results】At the bacterial phylum level, the dominant phyla in the TA rhizosphere were Proteobacteria, Actinobacteriota, Acidobacteriota, and Chloroflexi, with Verrucomicrobiota and WPS-2 uniquely detected in TA. In contrast, TB was dominated by Actinobacteriota, Proteobacteria, Acidobacteriota, and Chloroflexi, with Bacteroidota and Methylomirabilota uniquely detected. At the genus level, TA showed higher relative abundances of *Bradyrhizobium* and *Acidothermus*, whereas TB was enriched in Arthrobacter. For fungi, TA was dominated by Ascomycota, Basidiomycota, and Mortierellomycota, while Rozellomycota was uniquely detected in TB. At the genus level, *Trichoderma*, *Apiotrichum*, and *Solicoccozyma* were detected only in TA, whereas TB showed higher relative abundances of Fusarium, *Neocosmospora*, and *Chordomyces*. COG-based functional prediction showed that TA had higher relative abundances of functional categories related to cell motility, secondary metabolite biosynthesis, lipid metabolism, and energy production and conversion, whereas TB exhibited higher abundances of categories associated with cytoskeleton formation, RNA processing, carbohydrate metabolism, and defense mechanisms. FUNGuild analysis revealed that TA rhizosphere fungi were mainly classified as saprotrophic guilds, while TB harbored a higher proportion of plant-pathogenic guilds. 【Conclusion】The rhizosphere microbial community of the resistant cultivar Mihuang Li (TA) differs significantly from that of the susceptible cultivar Zhenzhu Li (TB) in both composition and predicted function. TA harbors beneficial microorganisms such as *Bradyrhizobium* and *Trichoderma*, which exhibit strong saprotrophic activity and potential antagonism against pathogens, as well as enrichment in metabolic pathways related to energy production and secondary metabolism. These features may contribute to enhanced host resistance by maintaining rhizosphere ecological balance and suppressing pathogen colonization. In contrast, the TB rhizosphere community is dominated by potential pathogens (*Fusarium*, *Gibberella*) and decomposers, making it more prone to disease occurrence. Overall, this study reveals the potential role of rhizosphere microbial communities in the formation of leaf blight resistance in *P. salicina*, providing theoretical support for the screening of antagonistic microbes and the development of microbe-based disease control strategies in plum orchards.

Key words: *Prunus salicina* Lindl; Leaf blight; Rhizosphere microbial community; Antagonistic microorganisms

李（*Prunus salicina* Lindl.）为蔷薇科李属木本植物，含有丰富的有机酸、维生素、胡萝卜素、蛋白质，以及铁、钙等矿质元素，具备良好的解渴、充饥和消食作用[1]。珍珠李是广西天峨县的支柱产业之一，种植面积达1.15万hm^2，总产量达2.5万t[2]。在李树种植过程中，长期施用酸性肥料容易导致土壤酸化，不利于李树生长[3]，同时叶枯病也严重影响李的产量，其中，叶枯病是广西李的重要产区——天峨县李果产业可持续发展的主要障碍之一[4]。

叶枯病是李树生产中常见且危害较为严重的真菌性病害，多从叶缘和叶尖侵染发生。发病初期叶片出现红褐色或灰褐色不规则病斑，随后病斑逐渐扩大并相互融合，形成大面积枯斑，干枯面积为叶片的1/3~1/2，病斑边缘具有明显的深色带状界限[5]。该病主要侵染李树叶片和嫩枝，严重时可导致叶片坏死，提前脱落，显著削弱树体光合能力，进而影响果实产量和品质[6]。目前，李树叶枯病的防控仍以化学药剂为主，短期内虽可有效抑制病害发生，但长

期依赖化学防治易引发环境污染、病原菌抗药性增强及果品质量安全风险等问题[7]。因此，开发绿色、高效且可持续的病害防控策略已成为李树病害研究和生产实践中的重要方向[8]。生物防控作为一种环境友好型病害管理方式，尤其是利用拮抗微生物抑制病原菌，被认为是实现果树病害绿色防控的重要途径之一[9]。

近年来，根际微生物组被认为是植物的“第二基因组”或“扩展基因组”，在调控植物养分吸收、生长发育及抗病性形成过程中发挥关键作用[10]。大量研究表明，根际微生物不仅参与营养物质循环和植物生长调控，还可通过产生抗菌物质、竞争性定殖位点或诱导植物系统性抗性等多种途径抑制土传病原菌的侵染[11]。此外，不同作物类型或不同抗病基因型之间，其根际微生物群落结构和功能往往存在显著差异[12]。在细菌性溃疡病抗性不同的猕猴桃以及青枯病抗性不同的烟草中，抗病品种与感病品种的根际微生物群落组成均表现出明显差异[13-14]。

在此背景下，田间调查发现，在天峨县相同生态环境和栽培管理条件下，当地主栽品种珍珠李易发生叶枯病，而蜜黄李品种却长期未观察到明显的叶枯病症状和危害。该现象表明，不同李树品种对叶枯病的响应机制可能存在本质差别，且这种差别并非完全由外界环境或栽培管理因素决定，根际微生物群落结构及其潜在功能差异可能在调控李树叶枯病抗性形成过程中发挥重要作用，具有进一步深入研究的必要性和科学价值。

鉴于此，笔者以叶枯病抗性品种蜜黄李和易感品种珍珠李为研究对象，系统比较两种李树根际土壤微生物群落的结构特征及其潜在功能差异，筛选具有拮抗潜力的功能微生物，以期为构建基于根际微生物调控的李树叶枯病生态防控技术体系提供理论依据和技术支撑。

1　材料和方法

1.1　试验地概况

试验地为广西壮族自治区河池市天峨县珍珠李种植基地，属亚热带季风气候区，年平均气温19.1 ℃，年平均降水量1550 mm。种植基地土壤类型为赤红壤。果园土壤pH 5.61，有机质含量（w，后同）23.7 g·kg^{-1}，全氮含量1.56 g·kg^{-1}，全磷含量0.54 g·kg^{-1}，全钾含量7.7 g·kg^{-1}，碱解氮含量128.9 mg·kg^{-1}，速效磷含量13.7 mg·kg^{-1}，速效钾含量106.0 mg·kg^{-1}。

1.2　样品采集

2023年9月10日于种植基地随机选择长势良好且相对一致的蜜黄李和珍珠李品种的植株各3株，分别于树冠滴水线下东南西北4个方向挖取土坑、采集李树根系。挖出的土壤样品用来测定土壤理化性质，挖出的根系采用抖根法[15]收集附着在根系上的土壤作为根际土壤，根际土壤样品采集后立即置于低温条件下保存，并在无菌条件下进行前处理。具体操作为：去除样品中可见的植物残体、根系碎片及石子等杂质，经无菌筛网充分混匀后分装，每个样品分取适量土壤用于微生物总DNA的提取，然后低温冷链送往上海美吉生物医药科技有限公司在Illumina Miseq PE300平台上进行PCR扩增和测序。其余样品于−80 ℃条件下保存备用。在整个处理过程中严格避免样品交叉污染及反复冻融，以保证微生物群落结构的稳定性和数据的可靠性。

1.3　土壤微生物多样性分析与数据处理

采用E.Z.N.A. Soil DNA Kit（Omega Bio-tek，Norcross，GA，USA），按照说明书操作，从样品微生物群落中提取基因组DNA。提取的DNA通过1%琼脂糖凝胶电泳检测完整性，并使用NanoDrop2000紫外-可见分光光度计测定DNA浓度和纯度（Thermo Scientific，Wilmington，DE，USA）。利用ABI Gene Amp9700PCR扩增仪，采用引物338F和806R扩增细菌16SrRNA基因V3~V4高变区，采用引物ITS1F和ITS2R扩增真菌ITS1区域（ABI，Los Angeles，CA，USA）。细菌和真菌测序所用引物类型及序列见表1。

16SrRNA基因的PCR扩增条件如下：95 ℃预变性3 min；随后进行27个循环（95 ℃变性30 s，55 ℃退火30 s，72 ℃延伸45 s）；最后在72 ℃延伸10 min，并在4 ℃终止反应。PCR反应体系总体积为20 μL，包括2 μL 2.5 mmol·L^{-1} dNTPs、4 μL 5× TransStart-FastPfu缓冲液、10 ng模板DNA、0.8 μL正向引物、0.8 μL反向引物、0.4 μL TransStart FastPfu DNA聚合酶，其余体积用ddH_2O补足。

ITS基因的PCR扩增条件如下：95 ℃预变性3 min；随后进行35个循环（95 ℃变性30s，53 ℃退火30 s，72 ℃延伸45 s）；最后在72 ℃延伸10 min，并在4 ℃终止反应。PCR反应采用TaKaRa rTaq DNA Polymerase，20 μL反应体系包括4 μL 10×Buf-

表1 用于细菌（16S rRNA基因）和真菌（ITS基因）扩增子测序的引物信息

Table 1 Primers used for bacterial (16S rRNA gene) and fungal (ITS gene) amplicon sequencing

测序区域 Sequencing region	引物名称 Primer name	引物序列 Primer sequence	测序平台 Sequencing platform	长度 Length/bp
16S rRNA gene	338F 806R	5′-ACTCCTACGGGAGGCAGCAG-3′ 5′-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3′	Miseq	468
ITS gene	ITS1F ITS2R	5′-CTTGGTCATTTAGAGGAAGTAA-3′ 5′-GCTGCGTTCTTCATCGATGC-3′	Miseq	300

fer、2 μL 2.5 mmol · L^{-1} dNTPs、0.8 μL正向引物、0.8 μL反向引物、0.4 μL rTaqDNA聚合酶、0.2 μL BSA、10 ng模板DNA，其余体积用ddH_2O补足。

所有PCR扩增均进行3次重复。扩增产物经2%琼脂糖凝胶电泳分离后，使用Axy-Prep DNA Gel Extraction Kit（Axygen Biosciences，Union City，CA，USA）进行回收纯化，并采用Quantus™荧光计测定DNA含量（Promega，Madison，WI，USA）。按照标准流程，纯化后的扩增子按等摩尔比例混合，并由美吉生物医药科技有限公司（Majorbio Bio-Pharm Technology Co. Ltd.，上海，中国）在Illumina MiSeq平台上进行双端测序（2×300 bp）（Illumina，San Diego，CA，USA）。

测序数据经质量控制后，基于97%相似性水平进行OTU聚类并完成物种注释。采用Shannon、Simpson指数评价微生物群落多样性，采用ACE和Chao1指数评价群落丰富度，不同处理间差异采用单因素方差分析（one-way ANOVA），并通过Duncan多重范围检验进行均值比较，差异显著性水平设定为$P<0.05$。

微生物群落结构差异（β多样性）基于Bray-Curtis距离矩阵，采用主坐标分析（PCoA）进行可视化分析。在门和属分类水平上，对主要微生物类群的相对丰度采用独立样本t检验分析差异。差异物种通过LEfSe分析筛选（Kruskal-Wallis检验，$P<0.05$，LDAscore＞3.0）。细菌群落功能预测基于KEGG和COG数据库，真菌功能预测基于FUNGuild数据库；不同处理间功能类群丰度差异采用t检验分析。所有统计分析在IBM SPSS Statistics21和Excel2019中完成，图表绘制由Majorbio Bio-Pharm Technology Co. Ltd.（Shanghai，China）协助完成。

2 结果与分析

2.1 Alpha多样性分析

由表2可知，所有样品的测序覆盖率均超过98%，说明测序结果能够有效反映微生物的真实情况。Shannon指数与Simpson指数用于评估微生物群落的多样性，ACE指数与Chao 1指数用于评估微生物的丰富度。在细菌群落中，TB处理的Shannon指数显著高于TA处理，而Simpson指数显著低于TA处理。ACE和Chao 1指数在TB处理中显著高于TA处理。在真菌群落中，TB处理的Shannon指

表2 抗叶枯病蜜黄李品种与易感病珍珠李品种根际土壤微生物多样性

Table 2 Microbial diversity in rhizosphere soil of resistant and susceptible plum varieties

物种 Species	处理 Treatment	香农指数 Shannon index	辛普森指数 Simpson index	ACE指数 ACE index	Chao1指数 Chao1 index
细菌 Bacterial	TA	6.00±0.05 b	0.010±0.000 6 a	2 591.0±60.66 b	2 482.1±63.23 b
	TB	6.47±0.02 a	0.008±0.000 1 b	3 111.0±99.66 a	3 009.6±82.36 a
	CK	6.40±0.18 a	0.006±0.001 b	3 458.9±303.54 a	3 347.6±277.49 a
真菌 Fungal	TA	3.11±0.15 c	0.201±0.02 a	1 120.0±27.90 c	1 094.7±39.26 c
	TB	4.77±0.02 a	0.027±0.002 c	1 599.3±15.79 a	1 584.4±6.17 a
	CK	3.63±0.27 b	0.127±0.02 b	1 274.7±133.52 b	1 269.2±132.35 b

注：TA是抗叶枯病李树品种（蜜黄李），TB是易感叶枯病李树品种（珍珠李），CK为背景土壤，未种植任何植物。不同小写字母表示在$P<0.05$差异显著。

Note: TA represents the leaf spot disease-resistant plum cultivar (*Prunus salicina* 'Mihuangli'), TB represents the leaf spot disease-susceptible cultivar (*P. salicina* 'Zhenzhuli'), and CK refers to the background soil without any plant cultivation. Different small letters indicate significant difference at $P<0.05$.

数显著高于 TA 处理；Simpson 指数在 TB 处理中显著低于 TA 处理。ACE 和 Chao 1 指数在 TB 处理中显著高于 TA 处理，以上结果表明，抗叶枯病品种（蜜黄李，TA）与易感病品种（珍珠李，TB）在植株根际细菌和真菌多样性与丰富度方面均存在显著差异。

2.2　PCoA 分析

基于 Bray-Curtis 距离的主坐标分析（principal coordinate analysis，PCoA）对李树叶枯病抗性品种蜜黄李（TA）和易感品种珍珠李（TB）的根际土壤细菌和真菌群落组成特征进行了可视化分析。结果显示，蜜黄李（TA）与珍珠李（TB）的根际细菌群落（图 1-A）和真菌群落（图 1-B）均分布于不同区域，表明抗病性不同的李树品种根际微生物群落组成存在显著差异。

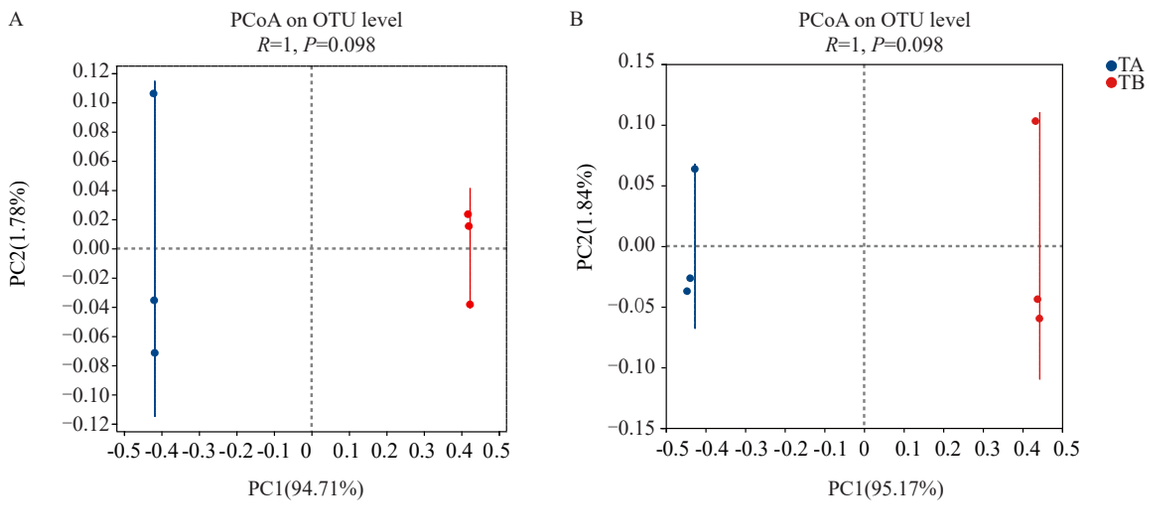


图 1　不同李树根际土壤细菌（A）和真菌（B）群落结构的主坐标分析

Fig. 1　Principal coordinates analysis of bacterial (A) and fungal (B) communities in the rhizosphere of different plum trees

2.3　Venn 分析

由图 2-A 可知，在操作分类单元（operational taxonomic units，OTUs）水平上，叶枯病抗性品种蜜黄李（TA）的根际土壤中共检出 3460 个细菌 OTUs，其中 1167 个为特有 OTUs；易感品种珍珠李（TB）的根际土壤中共检出 4192 个 OTUs，其中 1909 个为特有 OTUs。这一差异表明，TB 的细菌群落组成更丰富，特有 OTUs 数量明显高于 TA，反映出易感品种

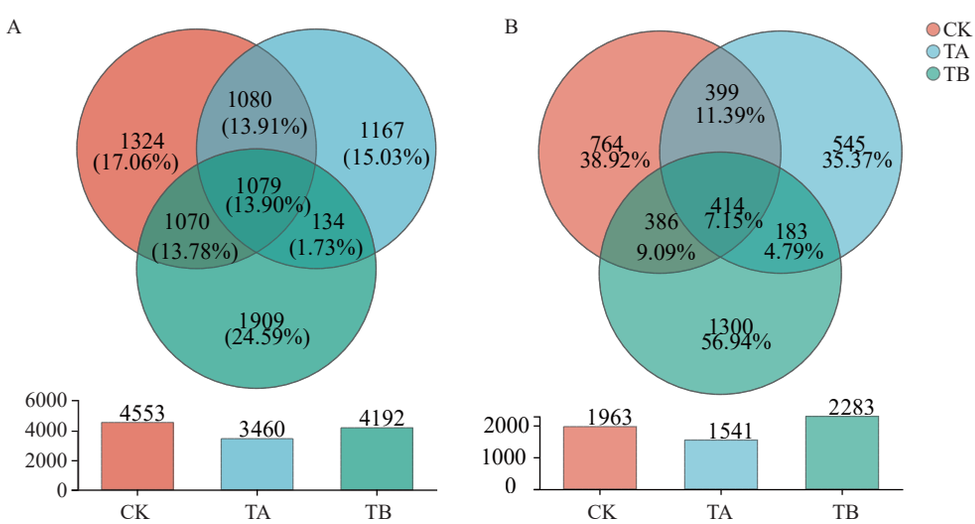


图 2　抗叶枯病与易感病李树根际细菌（A）和真菌（B）的 OTUs 分布

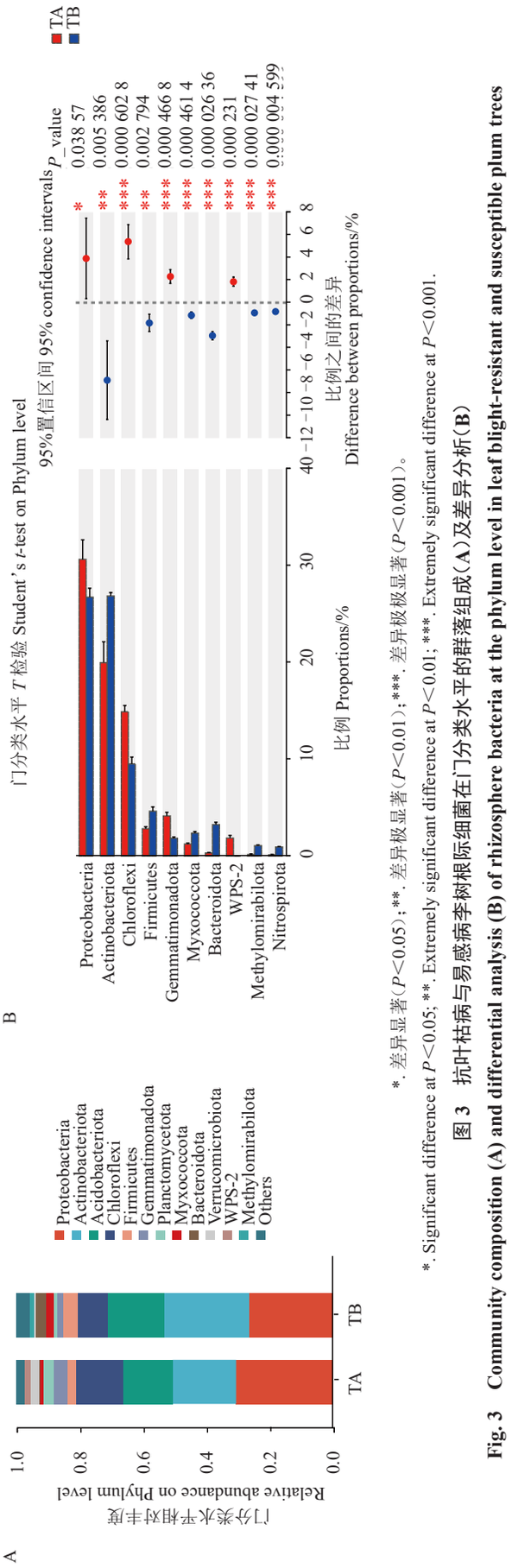
Fig. 2　OTU distribution of rhizosphere bacterial (A) and fungal (B) in resistant and susceptible plum trees

根际环境可能更易积累多样微生物类群。另一方面，由图2-B可知，在OTUs水平上，TA根际土壤中共检出1541个真菌OTUs，其中545个为特有OTUs；TB根际土壤中共检出2283个OTUs，其中1300个为特有OTUs，进一步证实TB的真菌群落组成更丰富，与细菌结果一致。

2.4 根际土壤细菌组成

在细菌门分类水平上，图3-A显示，叶枯病抗性品种（蜜黄李，TA）植株根际土壤中细菌优势菌门的相对丰度从高到低依次为：Proteobacteria（30.6%）、Actinobacteriota（20.04%）、Acidobacteriota（15.55%）、Chloroflexi（14.88%）、Gemmatimonadota（4.14%）、Planctomycetota（3.18%）、Firmicutes（2.81%）、Verrucomicrobiota（2.57%）、WPS-2（1.87%）和Myxococcota（1.25%），其中，Verrucomicrobiota与WPS-2菌门是叶枯病抗性品种（蜜黄李，TA）特有的优势细菌门类；与之相比，叶枯病易感品种（珍珠李，TB）植株根际土壤中，优势细菌门类占比由高至低分别为：Actinobacteriota（26.82%）、Proteobacteria（26.68%）、Acidobacteriota（17.76%）、Chloroflexi（9.52%）、Firmicutes（4.64%）、Bacteroidota（3.25%）、Myxococcota（2.40%）、Gemmatimonadota（1.85%）、Methylomirabilota（1.07%）、Planctomycetota（1.06%）。其中，Bacteroidota和Methylomirabilota菌门是叶枯病易感品种（珍珠李，TB）植株根际土壤中特有的优势细菌门类。差异显著性分析结果显示，抗叶枯病品种（蜜黄李，TA）与易感品种（珍珠李，TB）在细菌门分类水平上存在显著差异（图3-B）。其中Proteobacteria、Chloroflexi、Gemmatimonadota、WPS-2在TA中显著富集；而Actinobacteriota、Firmicutes、Myxococcota、Bacteroidota、Methylomirabilota在TB中显著富集。

在属分类水平上，抗叶枯病品种蜜黄李（TA）的根际土壤中共有25种优势细菌属（相对丰度＞1%），其中*Acidothermus*（4.53%）、norank_f__norank_o__*Elsterales*（4.33%）、*Bradyrhizobium*（2.55%）等21种为TA特有。易感品种珍珠李（TB）的根际土壤中共有14种优势细菌属（相对丰度＞1%），其中*Arthrobacter*（7.24%）、norank_f__*Vicinamibacteraceae*（6.78%）、*Sphingomonas*（2.43%）等10种为TB特有（图4-A）。差异显著性分析结果显示，TA与TB在细菌属水平上存在显著差异（图4-B）。其中，*Acido-*



*. 差异显著（$P<0.05$）；**. 差异极显著（$P<0.01$）；***. 差异极极显著（$P<0.001$）。

*. Significant difference at $P<0.05$; **. Extremely significant difference at $P<0.01$; ***. Extremely significant difference at $P<0.001$.

图3 抗叶枯病与易感病李树根际细菌在门分类水平的群落组成（A）及差异分析（B）

Fig. 3 Community composition (A) and differential analysis (B) of rhizosphere bacteria at the phylum level in leaf blight-resistant and susceptible plum trees

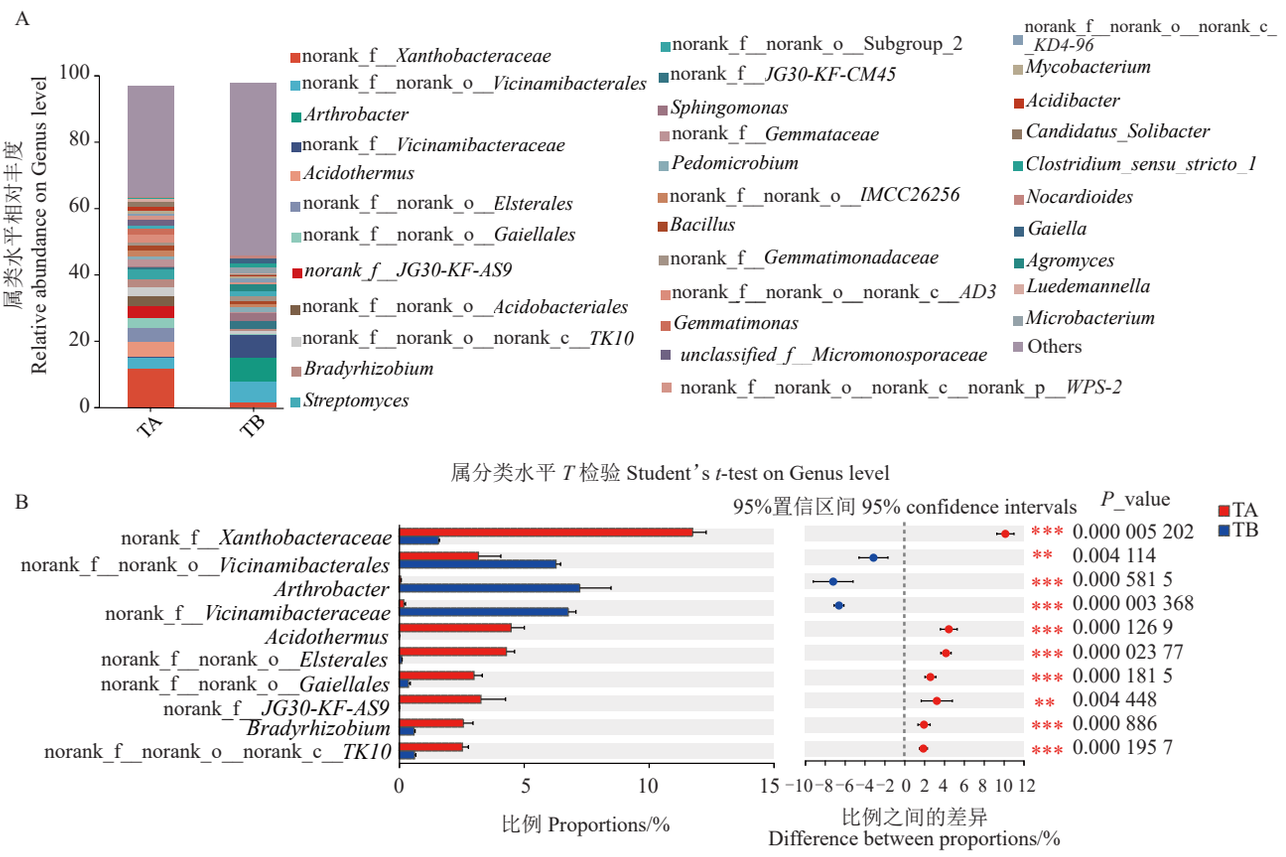


图 4　抗叶枯病与易感病李树根际细菌在属分类水平的群落组成(A)及差异分析(B)

Fig. 4　Community composition (A) and differential analysis (B) of rhizosphere bacteria at the genus level in leaf blight-resistant and susceptible plum trees

thermus、*Bradyrhizobium*、norank_f__norank_o__*Elsterales* 等 7 个属在 TA 中显著富集，而 norank_f__norank_o__*Vicinamibacterales*、*Arthrobacter*、norank_f__*Vicinamibacteraceae* 等在 TB 中显著富集。

2.5　根际土壤真菌组成

在真菌门分类水平上，抗叶枯病品种蜜黄李(TA)的根际土壤中共有 4 个优势真菌门(相对丰度＞1%)，分别为 Ascomycota(33.24%)、Basidiomycota(59.16%)、unclassified_k__Fungi(1.51%)和 Mortierellomycota(4.2%)。相比之下，易感品种珍珠李(TB)的根际土壤中共有 5 个优势真菌门，分别为 Ascomycota(82.81%)、Basidiomycota(6.65%)、unclassified_k__Fungi(4.18%)、Mortierellomycota(2.84%)以及 Rozellomycota(2.41%)，其中 Rozellomycota 为 TB 特有优势门(图 5-A)。差异显著性分析结果显示，TA 与 TB 在真菌门水平上存在显著差异(图 5-B)。其中，Basidiomycota 和 Mortierellomycota 在 TA 中显著富集，而 Ascomycota、unclassified_k__Fungi 和 Mortierellomycota 在 TB 中显著富集。

在真菌属分类水平上，抗叶枯病品种蜜黄李(TA)的根际土壤中共有 12 个优势真菌属(相对丰度＞1%)，其中 *Apiotrichum*(9.09%)、*Solicoccozyma*(3.38%)、*Trichoderma*(2.68%)、*Exophiala*(1.27%)等 4 个属为 TA 特有优势属；易感品种珍珠李(TB)的根际土壤中共有 24 个优势真菌属(相对丰度＞1%)，其中 *Chordomyces*(10.79%)、*Neocosmospora*(2.20%)、unclassified_o__*Pleosporales*(5.92%)等 16 个属为 TB 特有优势属(图 6-A)。差异显著性分析结果显示，TA 与 TB 在真菌属水平上存在显著差异(图 6-B)。其中，*Saitozyma*、*Metarhizium*、*Apiotrichum*、*Mortierella*、*Solicoccozyma* 在 TA 中显著富集，而 *Fusarium*、*Chordomyces*、*Gibberella*、*Plectosphaerella*、*Chaetomium* 在 TB 中显著富集。

2.6　土壤微生物 LEfSe 分析与功能预测

基于 LEfSe 分析(P＜0.05，LDA score＞3.0)对抗叶枯病品种(蜜黄李，TA)与易感病品种(珍珠李，TB)土壤根际微生物群落结构进行比较分析，从而筛选不同物种层级水平的差异物种。由图 7-A 可

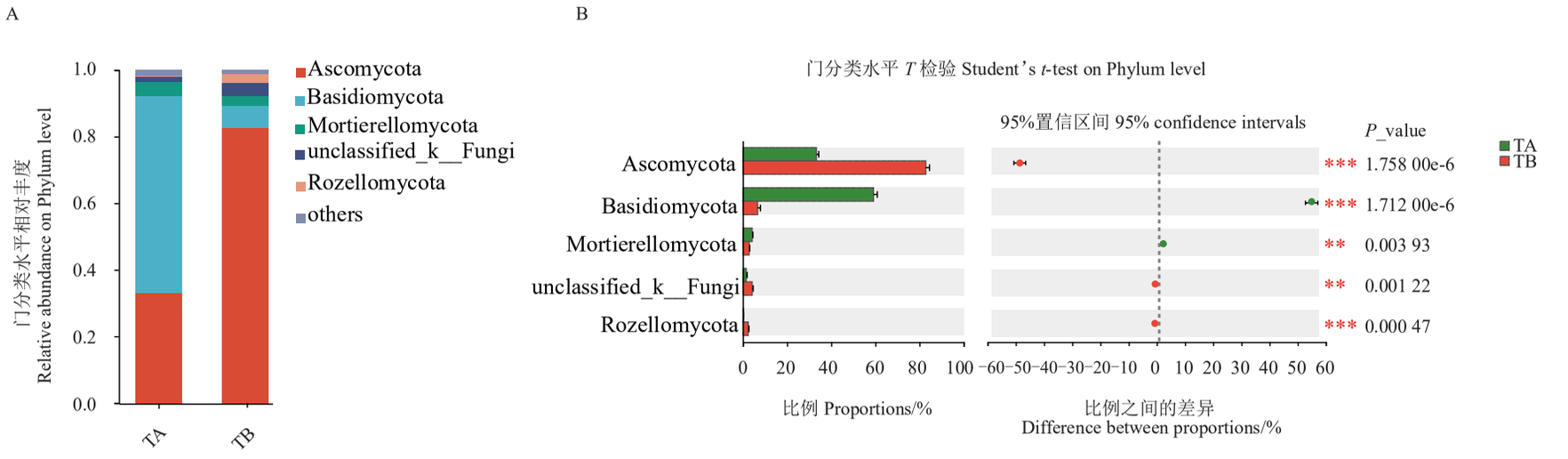


图 5　抗叶枯病与易感病李树根际真菌在门分类水平的群落组成(A)及差异分析(B)

Fig. 5　Community composition (A) and differential analysis (B) of rhizosphere fungi at the phylum level in leaf blight-resistant and susceptible plum trees

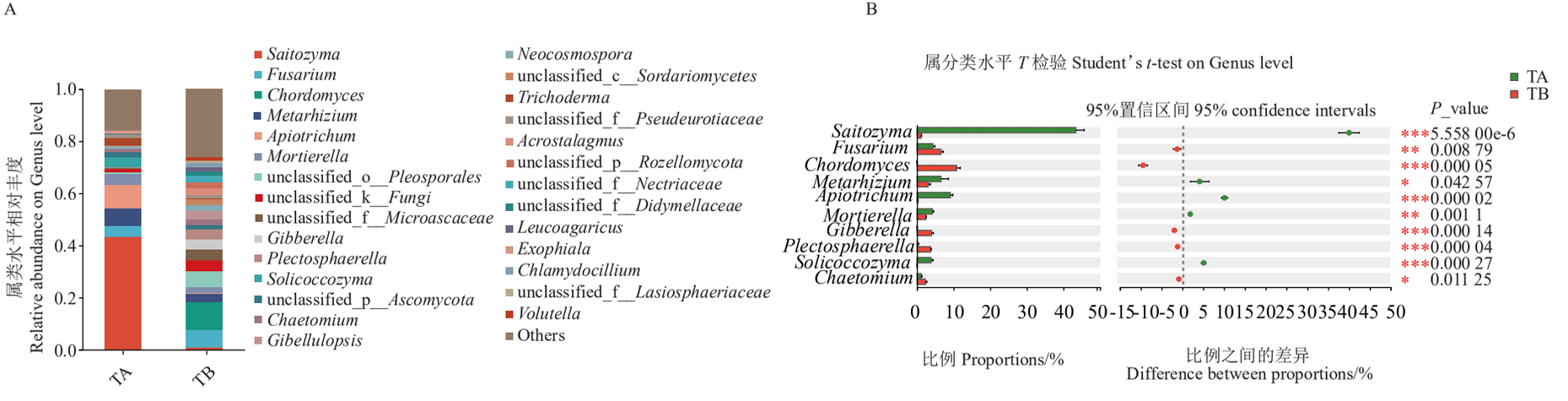


图 6　抗叶枯病与易感病李树根际真菌在属分类水平的群落组成(A)及差异分析(B)

Fig. 6　Community composition (A) and differential analysis (B) of rhizosphere fungi at the genus level in leaf blight-resistant and susceptible plum trees

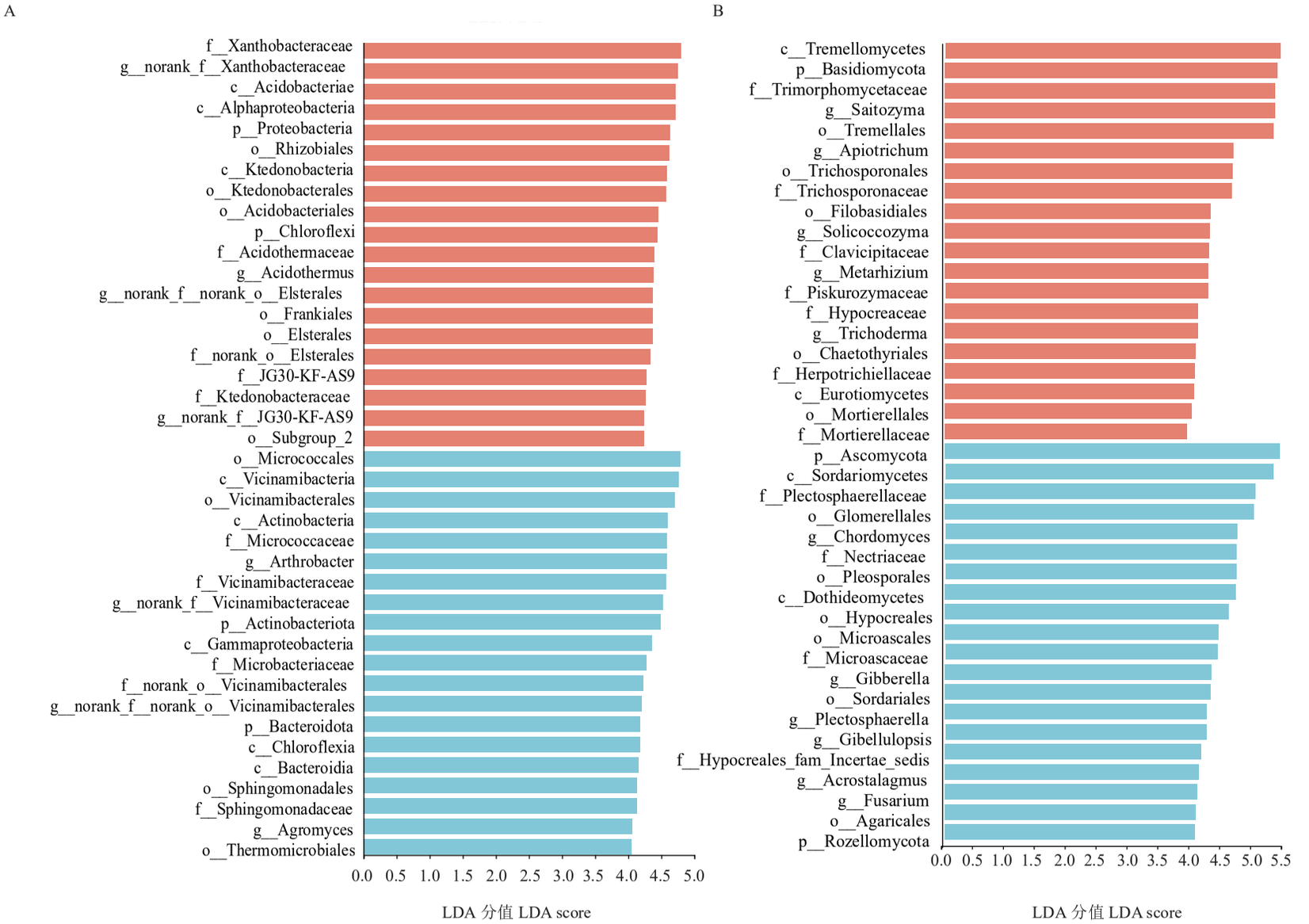
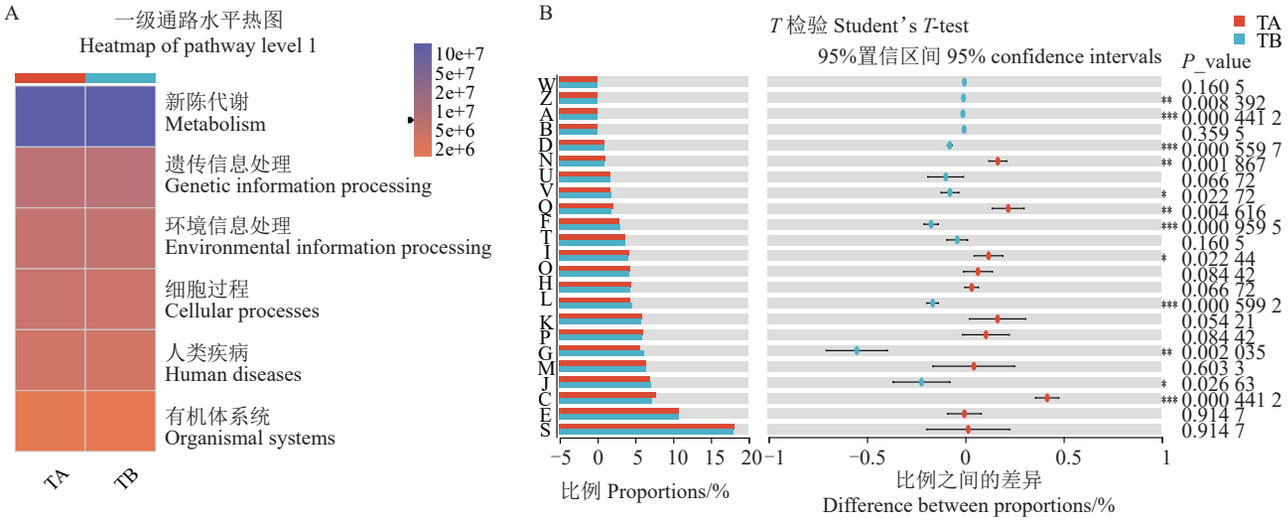


图 7　抗叶枯病与易感病李树根际细菌(A)和真菌(B)的 LEfSe 分析

Fig. 7　LEfSe analysis of rhizosphere bacterial (A) and fungal (B) in leaf blight-resistant and susceptible plum trees

知，在细菌门分类水平，Proteobacteria、Chloroflexi细菌在抗叶枯病品种（蜜黄李，TA）根际中显著富集，而Actinobacteriota、Bacteroidota则在易感病品种（珍珠李，TB）根际中显著富集；在细菌属分类水平，norank_f__*Xanthobacteraceae*、*Acidothermus*、norank_f__norank_o__*Elsterales*、norank_f__*JG30-KF-AS9*属在TA中显著富集，*Arthrobacter*、norank_f__*Vicinamibacteraceae*、norank_f__norank_o__*Vicinamibacterales*、*Agromyces*属在TB中显著富集。由图7-B可知，在真菌门分类水平，Basidiomycota真菌在TA根际中显著富集，TB则有Ascomycota，Rozellomycota这2个真菌门在根际中显著富集；在真菌属分类水平上，*Saitozyma*、*Apiotrichum*、*Solicoccozyma*、*Metarhizium*、*Trichoderma*这5个真菌属在TA根际中显著富集，TB则有*Chordomyces*、*Gibberella*、*Plectosphaerella*、*Gibellulopsis*、*Acrostalagmus*、*Fusarium*这6个真菌属在根际中显著富集。

基于KEGG数据库的功能预测结果（$P<0.05$）如图8-A所示，根际土壤细菌的一级功能层共涵盖6类主要代谢通路，但在对抗叶枯病品种（蜜黄李，TA）与易感病品种（珍珠李，TB）之间未检测到显著差异。进一步基于COG功能丰度统计（$P<0.05$）并进行*T*检验分析（图8-B），结果显示，TA在细胞运动（cell motility），次级代谢产物合成、转运与代谢（secondary metabolites biosynthesis，transport，and catabolism），脂类转运与代谢（lipid transport and metabolism），能量产生与转化（energy production and conversion）等功能类别上显著高于TB；而TB则在细胞骨架（cytoskeleton），RNA加工与修饰（RNA processing and modification），细胞周期控制、细胞分裂和染色体分配（cell cycle control，cell division，chromosome partitioning），细胞运动（cell motility），防御机制（defense mechanisms），复制、重组与修复（replication，recombination and repair），碳水化合物转运与



A. RNA加工与修饰；B. 染色质结构与动力学；C. 能量产生与转换；D. 细胞周期调控、细胞分裂、染色体分配；E. 氨基酸转运与代谢；F. 核苷酸转运与代谢；G. 碳水化合物转运与代谢；H. 辅酶转运与代谢；I. 脂质转运与代谢；J. 翻译、核糖体结构与生物发生；K. 转录；L. 复制、重组与修复；M. 细胞壁 / 膜 / 包膜生物发生；N. 细胞运动性；O. 翻译后修饰、蛋白周转、分子伴侣；P. 无机离子转运与代谢；Q. 次生代谢物生物合成、转运与分解代谢；S. 功能未知；T. 信号转导机制；U. 胞内运输、分泌与囊泡转运；V. 防御机制；W. 胞外结构；Z. 细胞骨架。

A. RNA processing and modification; B. Chromatin structure and dynamics; C. Energy production and conversion; D. Cell cycle control, cell division, chromosome partitioning; E. Amino acid transport and metabolism; F. Nucleotide transport and metabolism; G. Carbohydrate transport and metabolism; H. Coenzyme transport and metabolism; I. Lipid transport and metabolism; J. Translation, ribosomal structure and biogenesis; K. Transcription; L. Replication, recombination and repair; M. Cell wall/membrane/envelope biogenesis; N. Cell motility; O. Posttranslational modification, protein turnover, chaperones; P. Inorganic ion transport and metabolism; Q. Secondary metabolites biosynthesis, transport and catabolism; S. Function unknown; T. Signal transduction mechanisms; U. Intracellular trafficking, secretion, and vesicular transport; V. Defense mechanisms; W. Extracellular structures; Z. Cytoskeleton.

图8 抗叶枯病与易感病李树根际细菌的功能预测（A）及差异分析（B）

Fig. 8 Functional prediction (A) and differential analysis (B) of rhizosphere bacteria in leaf blight-resistant and susceptible plum trees

代谢（carbohydrate transport and metabolism），翻译、核糖体结构与生物发生（translation，ribosomal structure and biogenesis）等功能类别上显著高于TA。

采用FUNGuild预测抗叶枯病品种（蜜黄李，TA）和易感病品种（珍珠李，TB）根际土壤真菌群落的营养型和功能群。为避免过度解读真菌功能群，删除置信度为“possible”（可能）的等级，仅保留“highly probable”（极可能）和“probable”（很可能）两个等级，对于FUNGuild不能鉴定或鉴定为多种复合营养方式的群落统一为“undefined”（未定义），同时将相对丰度＜1%的功能群合并为Others。总体上得出图9-A，显示出TA和TB根际土壤真菌分别鉴定出14个和16个主要功能群，其中animal pathogen-endophyte-fungal parasite-plant pathogen=wood saprotroph（木腐菌），endophyte-undefined saprotroph（内生-未定义腐生菌）是TB所特有的主要功能群。进行差异显著性分析得到图9-B，TA较TB有animal pathogen-undefined saprotroph（动物病原菌-未定义腐生菌）、endophyte-litter saprotroph-soil saprotroph-undefined saprotroph（内生菌-凋落物腐生菌-土壤腐生菌-未定义腐生菌）、soil saprotroph（土壤腐生菌）、animal pathogen（动物病原菌）、fungal parasite-undefined saprotroph（真菌寄生-未定义腐生菌）这5种功能表现出显著差异；而TB较TA则有fungal parasite-plant pathogen-plant saprotroph（真菌寄生-植物病原菌-植物腐生菌）、animal pathogen-plant pathogen-undefined saprotroph（动物病原菌-植物病原菌-未定义腐生菌）、endophyte-undefined saprotroph（内生-未定义腐生菌）、animal pathogen-endophyte-fungal parasite-plant pathogen=wood saprotroph（动物病原菌-内生-真菌寄生-植物病原菌=木腐菌）等10种功能表现出显著差异。

3　讨　论

在本研究中，抗叶枯病品种（蜜黄李，TA）与易感品种（珍珠李，TB）的根际微生物群落在多样性和丰富度方面均表现出显著差异，其中Shannon和Simpson指数反映了多样性水平，而Chao1和ACE指数体现了丰富度差异。在本研究中，两种李树根际土壤的微生物群落组成在整体结构上存在明显区别。这些结果表明，品种抗病性与根际微生物群落特征密切相关，为进一步分析关键功能群和优势类群对宿主抗病性的作用提供了逻辑基础。具体而言，在相同的环境管理条件下，不同品种的李树能够选择性地招募各自特有的根际微生物群落。与TA相比，TB的特有根际细菌操作分类单元（OTUs）数量为1909个，明显高于TA；同样，在特有真菌OTUs数量上，TB为1300个，也远高于TA的545个。这进一步突显了两种李树根际微生物群落在物种组成与特有类群方面的明显差异。

3.1　根际细菌群落结构与功能差异

在细菌门分类水平上，抗叶枯病品种（蜜黄李，TA）特有的优势菌门为Verrucomicrobiota。已有研究表明，Verrucomicrobiota菌门常参与土壤有机质分解及碳氮循环，为宿主植物提供更优的营养条件[16]；此外，其在健康土壤中相对稳定[17]，并可能通过抑制病原体扩展发挥保护作用，成为土壤健康和病害抑制的指标菌群[18]。相比之下，TB特有的Bacteroidot菌门在病株样本中群落组成发生变化。Muñoz-Ramírez等[19]在苹果根与茎病害研究中发现，症状树与无症状树之间Bacteroidetes的丰度存在显著差异，可能与病害易感性相关。此外，TB特有的另外一种细菌门Methylomirabilota参与氮循环，在低氧或还原环境下更为常见[20]，研究表明，病原菌（如*Xanthomonasarboricola*）在低氧环境中更容易定殖和扩展[21]。在抗叶枯病品种（蜜黄李，TA）与易感病品种（珍珠李，TB）所共有的优势菌门中，TB的Acidobacteriota菌门相对丰度占比高于TA，现有研究表明，其菌门多为中性菌，缺乏直接拮抗功能，在根际高丰度时可能意味着拮抗性微生物不足，间接提高病原菌生长机会[22]。

在细菌属分类水平，抗叶枯病品种（蜜黄李，TA）的根际土壤中共有21个特有优势细菌属（相对丰度＞1%）。其中，*Bradyrhizobium*属细菌表现出对多种植物病原菌的抑制活性。研究发现，该属细菌可通过产生抗菌物质[23]、诱导植物系统性抗性[24]以及与其他有益微生物协同作用[25]，从而增强植物对病原菌的抵抗能力。*Bacillus*属是TA另一种特有优势菌属，广泛应用于生物防治，能够通过产生抗菌物质抑制植物病原菌[26]。此外，有研究发现，当*Bradyrhizobium*与*Bacillus*共同接种时，前者能够增强对植物病害的抑制效果[27]。相比之下，易感病品种（珍珠李，TB）则有10个特有优势细菌属（相对丰度＞1%），而TB根际土壤的特有优势菌属多与有机质分

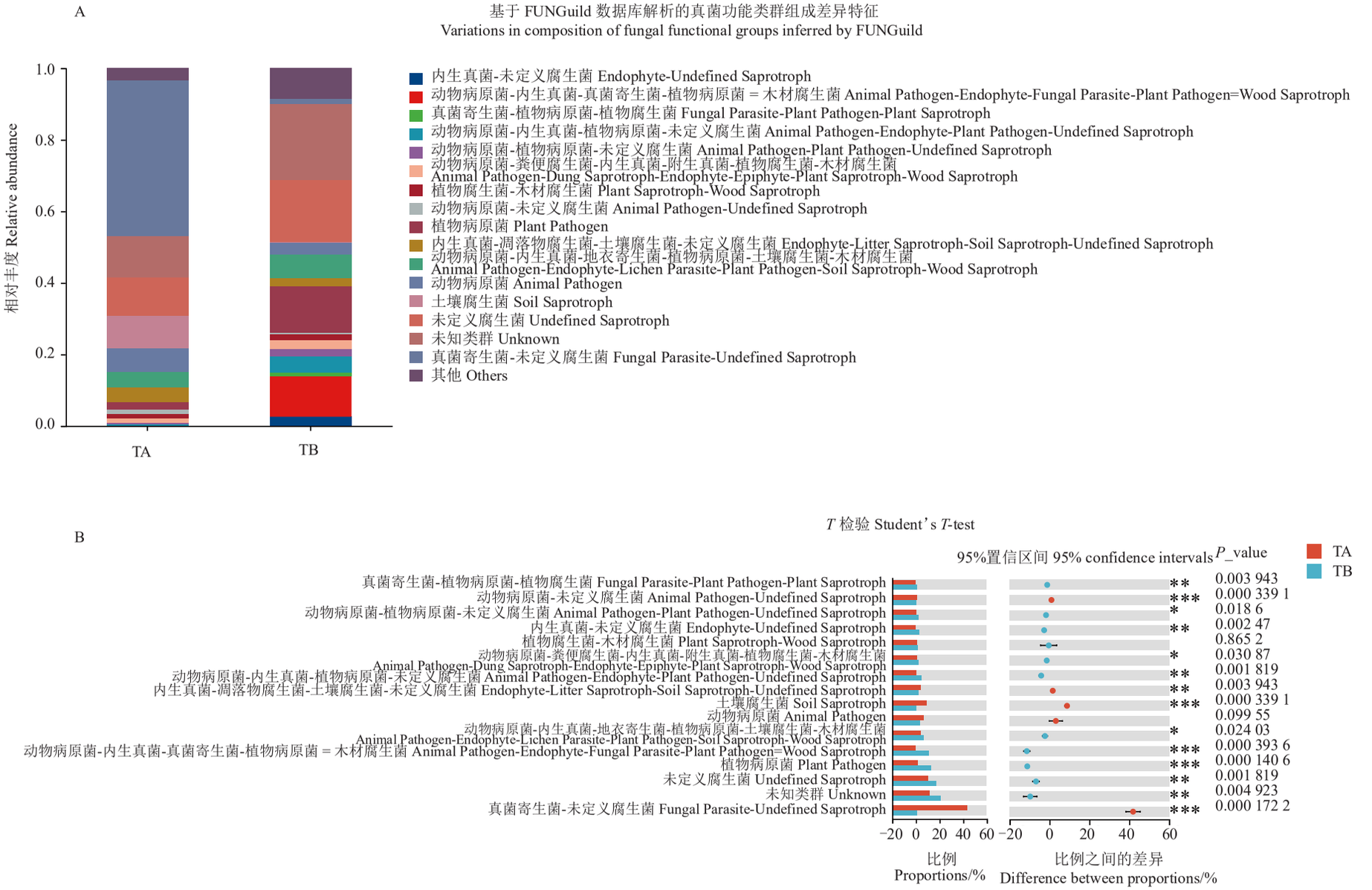


图 9　抗叶枯病与易感病李树根际真菌的功能预测(A)及差异分析(B)

Fig. 9　Functional prediction (A) and differential analysis (B) of rhizosphere fungi in leaf blight-resistant and susceptible plum trees

解相关而非抗病功能。如*Arthrobacter*属细菌虽然具备分解有机物的能力，但部分菌株缺乏对植物病原菌的抑制作用，可能间接降低植物的抗病性[28]。*Streptomyces*属细菌多数能够产生抗生素[29]，但Barka等[30]研究表明，高丰度的*Streptomyces*更可能偏向有机质分解而非抗病功能。*Sphingomonas*属中的一些菌株被认为是土壤腐生菌，其抗病能力较弱[31-32]。此外，*Vicinamibacteraceae*、*Gemmatimonadaceae*、*Agromyces*等菌属在土壤微生态系统中主要扮演有机质分解者的角色，通常缺乏直接拮抗植物病原的能力[33-34]。

KEGG功能预测显示，抗叶枯病品种（蜜黄李，TA）与易感病品种（珍珠李，TB）根际细菌群落在六大主要代谢类型上未见显著差异，但COG功能注释揭示了二者在代谢与功能分布上的显著差异。TA根际群落显著富集于细胞运动、次级代谢产物合成与转运、脂类代谢及能量转化，这些功能通常与有益微生物的快速定殖、拮抗物质合成及代谢适应性增强密切相关，从而可能提升宿主的抗病能力[35-36]。相反，TB根际群落则主要富集于细胞骨架、RNA加工、细胞周期控制、复制与修复及碳水化合物代谢等功能，更倾向于维持基础生命活动和应激适应，缺乏针对病原菌的特异性防御作用[37]。

3.2　根际真菌群落结构与功能差异

在真菌门分类水平，抗叶枯病品种（蜜黄李，TA）和易感病品种（珍珠李，TB）存在显著差异。TA根际真菌群落中Basidiomycota（59.16%）丰度明显高于TB（6.65%），并且该菌门在统计分析上达到显著差异水平（$P<0.05$）。研究表明，Basidiomycota菌门具有较强的木质素和有机质降解能力，能够促进土壤养分循环并增进植物健康[38]。另外，TA的Mortierellomycota菌门丰度显著高于TB，该菌门的部分成员常被报道为植物促生真菌[39]，可通过改善根际微环境增强宿主抗逆性[40]。上述结果得到一个反直觉现象：TA的根际真菌多样性低于TB，但特定的有益菌门的丰度却更高。这一现象表明，抗性品种可能通过选择性招募机制优化根际微生物群落结构，减少冗余或潜在有害物种，从而提升群落的整体稳定性和功能效率[41]。研究表明，抗性小麦品种的根际真菌多样性低于易感品种，但丰度更高的有益微生物（如抑制病原的菌群）有助于维持生态平衡和抑制病害传播[42]。相反，TB根际真菌群落中Ascomycota占比高达82.81%，显著高于TA（33.24%），该菌门是土壤中常见的主要真菌门，但其中包含大量植物病原真菌[43]，而李叶枯病是一种真菌性疾病[44]，其高丰度可能与TB易感叶枯病密切相关。Ascomycota虽是土壤中常见的主要真菌门，但其中包含大量植物病原真菌，其高丰度可能与TB易感叶枯病密切相关[45]。此外，TB的Rozellomycota丰度（2.41%）也显著高于TA，Rozellomycota菌门通常出现在受胁迫或病害相关的土壤环境中[46]。

在真菌属分类水平，抗叶枯病品种（蜜黄李，TA）有4个特有的优势真菌属。其中，*Trichoderma*属能够分泌抗真菌酶和次级代谢物，直接抑制病原真菌的生长，同时诱导宿主产生系统性抗性[47]。有报道*Exophiala*属能够增强宿主对逆境胁迫的耐受性[48-49]。此外，*Apiotrichum*和*Solicoccozyma*属具备较强的有机物分解与环境适应能力，被认为有助于维持根际生态系统的稳定性[50]。这些功能性真菌的富集，表明TA根际真菌群落更倾向于拮抗性和环境适应性强的群落结构。相比之下，易感病品种（珍珠李，TB）的优势真菌群落中包含16个特有属，并且在差异显著性分析中，*Fusarium*、*Gibberella*、*Plectosphaerella*、*Chaetomium*等真菌属在TB中显著富集。其中，*Fusarium*属是真菌性病害的重要病原，包括叶枯病、根腐病和茎枯病等[51]。*Gibberella*属与*Fusarium*属密切相关，也被认为是植物的重要病原，能够引起茎基腐和叶枯等症状[52]。*Plectosphaerella*属中也含有多种植物病原菌，已报道其在果树和蔬菜中可导致枯萎和叶片病害[53]。*Chaetomium*属虽然部分为腐生真菌，但有研究报道*Chaetomium*属被作为橄榄叶的某种叶斑病原[54]。

FUNGuild功能预测结果显示，抗叶枯病品种（蜜黄李，TA）与易感病品种（珍珠李，TB）在根际真菌功能上存在显著差异。TA根际主要富集animal pathogen-undefined saprotroph、endophyte-litter saprotroph-soil saprotroph-undefined saprotroph、soil saprotroph、animal pathogen等功能群，表明其真菌群落具有较强的腐生分解能力及潜在的拮抗病原菌作用[55-56]。相比之下，TB根际富集的功能群，如fungal parasite-plant pathogen-plant saprotroph、animal pathogen-plant pathogen-undefined saprotroph等更多与病原型和复合营养型相关[57]。这些功能差异与真菌群落结构变化一致。TA富集的优势真菌属（如

Trichoderma）以及Mortierellomycota的富集体现了其增强的腐生分解和拮抗能力，与FUNGuild功能预测结果一致。相反，TB根际富集的优势真菌属（如*Fusarium*），导致根际功能偏向病原性及植物残体分解，与其功能群中显著富集的plant pathogen-saprotroph类型一致。

4 结 论

本研究揭示，广西天峨县同一果园中抗叶枯病品种蜜黄李（TA）和易感品种珍珠李（TB）的根际土壤微生物群落在结构和功能上存在显著差异：TA富集有益细菌（如*Bradyrhizobium*、*Bacillus*）和真菌（如*Trichoderma*），功能偏向拮抗病原和能量代谢；TB则以潜在病原菌（如*Fusarium*、*Gibberella*）为主，功能倾向病原性和分解。该差异表明根际微生物协同增强宿主抗病性，从理论上深化了对植物-微生物互作机制的认识，实践上为李树叶枯病生态防控和拮抗微生物筛选提供了科学依据。然而，本研究基于高通量测序的描述性分析，缺乏根际微生物与抗病性因果关系的试验验证。未来可通过盆栽或田间试验验证关键微生物的功能，并探索根际调控策略以优化李树抗病育种技术和栽培管理措施。

参考文献 References：

[1] 刘威生，章秋平，马小雪，张玉萍，刘家成，张玉君，刘硕，刘宁，徐铭 . 新中国果树科学研究 70 年：李[J]. 果树学报，2019，36(10)：1320-1338.
Liu Weisheng，Zhang Qiuping，Ma Xiaoxue，Zhang Yuping，Liu Jiacheng，Zhang Yujun，Liu Shuo，Liu Ning，Xu Ming. Fruit scientific research in New China in the past 70 years：Plum[J]. Journal of Fruit Science，2019，36(10)：1320-1338.

[2] 韦发才，郭昌永，马玉玲 . 龙滩珍珠李产业发展现状及对策[J]. 南方园艺，2015，26(5)：32-33.
Wei Facai，Guo Changyong，Ma Yuling. Current situation and countermeasures of Longtan pearl plum industry development[J]. Southern Horticulture，2015，26(5)：32-33.

[3] 纪兆林，戴慧俊，张天枢，万保雄，全金成，韦发才，徐敬友 . 广西珍珠李叶枯病病原鉴定[J]. 中国南方果树，2015，44(2)：39-42.
Ji Zhaolin，Dai Huijun，Zhang Tianshu，Wan Baoxiong，Quan Jincheng，Wei Facai，Xu Jingyou. Identification of the pathogen causing plum leaf blight[J]. South China Fruits，2015，44(2)：39-42.

[4] 徐志美，周民武，李珍，赵碧英，贺申魁，刘珊廷，林子桢，高兴，易显荣 . 广西李生产现状及发展对策[J]. 南方园艺，2024，35(2)：55-57.
Xu Zhimei，Zhou Minwu，Li Zhen，Zhao Biying，He Shenkui，Liu Shanting，Lin Zizhen，Gao Xing，Yi Xianrong. Production status and development countermeasures of plum in Guangxi[J]. Southern Horticulture，2024，35(2)：55-57.

[5] 史磊 . 苹果炭疽叶枯病的识别、发生规律及防治[J]. 果树资源学报，2025，6(2)：83-85.
Shi Lei. Identification，occurrence regularity and control of glomerella leaf spot of apple[J]. Journal of Fruit Resources，2025，6(2)：83-85.

[6] 鲁萌萌，马立安，唐利华，陈小林，郭堂勋，黄穗萍，李其利 . 引起李树叶枯病的镰刀菌种类鉴定[J]. 植物病理学报，2023，53(4)：713-716.
Lu Mengmeng，Ma Lian，Tang Lihua，Chen Xiaolin，Guo Tangxun，Huang Suiping，Li Qili. Identification of the species of *Fusarium* causing plum leaf blight[J]. Acta Phytopathologica Sinica，2023，53(4)：713-716.

[7] 苏珍珠，冯晓晓，汪彦欣，刘小红，章初龙，林福呈 . 稻镰状瓶霉对水稻白叶枯病的生物防治[J]. 菌物学报，2019，38(6)：802-810.
Su Zhenzhu，Feng Xiaoxiao，Wang Yanxin，Liu Xiaohong，Zhang Chulong，Lin Fucheng. Biocontrol effects of *Falciphora oryzae* resistant to rice bacterial blight[J]. Mycosystema，2019，38(6)：802-810.

[8] Wang Q C，Liu F F，Liu Q L，Wu W X，Wingfield M J，Chen S F. Comparison of hyphal fragments and spores to evaluate the pathogenicity of the *Eucalyptus* leaf and shoot pathogen *Calonectria pseudoreteaudii*[J]. Plant Disease，2022，106(12)：3145-3153.

[9] 李剑锋，杜学慧，彭姝，周红，郜效儒，高艾英 . 生物传感器在农药残留检测中的应用[J]. 中国计量，2024(8)：99-104.
Li Jianfeng，Du Xuehui，Peng Shu，Zhou Hong，Gao Xiaoru，Gao Aiying. Application of biosensors in pesticide residue detection[J]. China Metrology，2024(8)：99-104.

[10] Zhou X Y，Liao L Y，Chen K，Yin Y，Qiu L L，Li X N，Li Q S，Yang S D. Diversity and composition of soil microbial communities in the rhizospheres of late blight- resistant tomatoes after *Phytophthora infestans* inoculation[J]. Frontiers in Plant Science，2025，16：1556928.

[11] 谭泽成 . 低温和暖温期猕猴桃对细菌性溃疡病抗性的差异及机理研究[D]. 吉首：吉首大学，2024.
Tan Zecheng. The mechanism and difference in resistance to kiwifruit bacterial canker at low temperature and warm temperature period[D]. Jishou：Jishou University，2024.

[12] 胡艺帆，潘祖建，黄雪梅，何江，陈豪军，陈燕 . 患枯萎病与健康番木瓜植株根际土壤微生物群落比较分析[J]. 果树学报，2025，42(10)：2405-2415.
Hu Yifan，Pan Zujian，Huang Xuemei，He Jiang，Chen Haojun，Chen Yan. Comparative analysis on microbial communities between rhizosphere soils of wilt diseased and healthy papaya[J].

Journal of Fruit Science，2025，42(10)：2405-2415.

[13] 李娅娣，王瀚祥，胡柏耿，杨辉，胡新喜，熊兴耀，王万兴 . 植物根际促生菌缓解园艺作物非生物胁迫研究进展[J]. 园艺学报，2024，51(8)：1964-1976.
Li Yadi，Wang Hanxiang，Hu Baigeng，Yang Hui，Hu Xinxi，Xiong Xingyao，Wang Wanxing. Research progress on plant growth promoting rhizobacteria to alleviate abiotic stress tolerance of horticultural crops[J]. Acta Horticulturae Sinica，2024，51(8)：1964-1976.

[14] Zhou X G，Zhang J Y，Khashi u Rahman M，Gao D M，Wei Z，Wu F Z，Dini-Andreote F. Interspecific plant interaction *via* root exudates structures the disease suppressiveness of rhizosphere microbiomes[J]. Molecular Plant，2023，16(5)：849-864.

[15] 庞师婵，郭霜，任奎瑜，王帅帅，杨尚东 . 番茄/茄子嫁接对其根际土壤生物学性状及细菌群落结构的影响[J]. 园艺学报，2020，47(2)：253-263.
Pang Shichan，Guo Shuang，Ren Kuiyu，Wang Shuaishuai，Yang Shangdong. Impact of grafting on soil microbial properties and bacterial community structure in tomato rhizosphere[J]. Acta Horticulturae Sinica，2020，47(2)：253-263.

[16] Navarrete A A，Soares T，Rossetto R，van Veen J A，Tsai S M，Kuramae E E. Verrucomicrobial community structure and abundance as indicators for changes in chemical factors linked to soil fertility[J]. Antonie van Leeuwenhoek，2015，108(3)：741-752.

[17] Yang H W，Li J，Xiao Y H，Gu Y B，Liu H W，Liang Y L，Liu X D，Hu J，Meng D L，Yin H Q. An integrated insight into the relationship between soil microbial community and tobacco bacterial wilt disease[J]. Frontiers in Microbiology，2017，8：2179.

[18] Wilhelm R C，Amsili J P，Kurtz K S M，van Es H M，Buckley D H. Ecological insights into soil health according to the genomic traits and environment-wide associations of bacteria in agricultural soils[J]. ISME Communications，2023，3(1)：1-11.

[19] Muñoz-Ramírez Z Y，González-Escobedo R，Avila-Quezada G D，Ramírez-Sánchez O，Higareda-Alvear V M，Zapata-Chávez E，Borrego-Loya A，Muñoz-Castellanos L N. Exploring microbial rhizosphere communities in asymptomatic and symptomatic apple trees using amplicon sequencing and shotgun metagenomics[J]. Agronomy，2024，14(2)：357.

[20] Ettwig K F，Butler M K，Le Paslier D，Pelletier E，Mangenot S，Kuypers M M M，Schreiber F，Dutilh B E，Zedelius J，de Beer D，Gloerich J，Wessels H J C T，van Alen T，Luesken F，Wu M L，Van De Pas-Schoonen K T，Op Den Camp H J M，Janssen-Megens E M，Francoijs K J，Stunnenberg H，Weissenbach J，Jetten M S M，Strous M. Nitrite-driven anaerobic methane oxidation by oxygenic bacteria[J]. Nature，2010，464(7288)：543-548.

[21] Garita-Cambronero J，Palacio-Bielsa A，López M M，Cubero J. Comparative genomic and phenotypic characterization of pathogenic and non-pathogenic strains of *Xanthomonas arboricola* reveals insights into the infection process of bacterial spot disease of stone fruits[J]. PLoS One，2016，11(8)：e0161977.

[22] Kielak A M，Barreto C C，Kowalchuk G A，van Veen J A，Kuramae E E. The ecology of *Acidobacteria*：Moving beyond genes and genomes[J]. Frontiers in Microbiology，2016，7：744.

[23] Khalid U，Aftab Z E H，Anjum T，Bokhari N A，Akram W，Anwar W. Harnessing the biocontrol potential of *Bradyrhizobium japonicum* FCBP-SB-406 to manage charcoal rot of soybean with increased yield response for the development of sustainable agriculture[J]. Microorganisms，2024，12(2)：304.

[24] Das K，Prasanna R，Saxena A K. Rhizobia：A potential biocontrol agent for soilborne fungal pathogens[J]. Folia Microbiologica，2017，62(5)：425-435.

[25] Marchetto K M，Power A G. Viral infection can reduce the net nitrogen inputs of legume break crops and cover crops[J]. Ecological Applications，2021，31(2)：e02241.

[26] Leclère V，Béchet M，Adam A，Guez J S，Wathelet B，Ongena M，Thonart P，Gancel F，Chollet-Imbert M，Jacques P. Mycosubtilin overproduction by *Bacillus subtilis* BBG100 enhances the organism’s antagonistic and biocontrol activities[J]. Applied and Environmental Microbiology，2005，71(8)：4577-4584.

[27] Zhang C W，Cai K，Li M Y，Zheng J Q，Han Y Z. Plant-growth-promoting potential of PGPE isolated from *Dactylis glomerata* L.[J]. Microorganisms，2022，10(4)：731.

[28] Sun Y C，Sun P B，Xue J，Du Y P，Yan H，Wang L W，Yi X X，Sun J G，Zhang X H，Gao J L. *Arthrobacter wenxiniae* sp. nov.，a novel plant growth-promoting rhizobacteria species harbouring a carotenoids biosynthetic gene cluster[J]. Antonie van Leeuwenhoek，2022，115(3)：353-364.

[29] Michalska-Smith M，Schlatter D C，Pombubpa N，Castle S C，Grandy A S，Borer E T，Seabloom E W，Kinkel L L. Plant community richness and foliar fungicides impact soil *Streptomyces* inhibition，resistance，and resource use phenotypes[J]. Frontiers in Microbiology，2024，15：1452534.

[30] Sun T Y，Liu H W，Wang N Q，Huang M C，Banerjee S，Jousset A，Xu Y C，Shen Q R，Wang S M，Wang X F，Wei Z. Interactions with native microbial keystone taxa enhance the biocontrol efficiency of *Streptomyces*[J]. Microbiome，2025，13(1)：126.

[31] Schlatter D，Kinkel L，Thomashow L，Weller D，Paulitz T. Disease suppressive soils：New insights from the soil microbiome[J]. Phytopathology，2017，107(11)：1284-1297.

[32] Kinkel L L，Schlatter D C，Bakker M G，Arenz B E. *Streptomyces* competition and co-evolution in relation to plant disease suppression[J]. Research in Microbiology，2012，163(8)：490-499.

[33] Huber K J，Overmann J. *Vicinamibacteraceae* fam. nov.，the first described family within the subdivision 6 *Acidobacteria*[J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology，2018，68(7)：2331-2334.

[34] Chen T Y，Qu N，Wang J X，Liu Y C，Feng J，Zhang S L，Xu C Y，Cao Z Q，Pan J，Li C L. Effects of different ecological restoration methods on the soil bacterial community structure of a

light rare earth tailings pond[J]. Plant and Soil，2024，497(1/2)：43-59.

[35] Berendsen R L，Pieterse C M J，Bakker P A H M. The rhizosphere microbiome and plant health[J]. Trends in Plant Science，2012，17(8)：478-486.

[36] Mendes R，Garbeva P，Raaijmakers J M. The rhizosphere microbiome：Significance of plant beneficial，plant pathogenic，and human pathogenic microorganisms[J]. FEMS Microbiology Reviews，2013，37(5)：634-663.

[37] Xiong W，Jousset A，Guo S，Karlsson I，Zhao Q Y，Wu H S，Kowalchuk G A，Shen Q R，Li R，Geisen S. Soil protist communities form a dynamic hub in the soil microbiome[J]. The ISME Journal，2018，12(2)：634-638.

[38] Van Der Wal A，Geydan T D，Kuyper T W，De Boer W. A thready affair：Linking fungal diversity and community dynamics to terrestrial decomposition processes[J]. FEMS Microbiology Reviews，2013，37(4)：477-494.

[39] Wani Z A，Ashraf N，Mohiuddin T，Riyaz-Ul-Hassan S. Plant-endophyte symbiosis，an ecological perspective[J]. Applied Microbiology and Biotechnology，2015，99(7)：2955-2965.

[40] Zhang K L，Bonito G，Hsu C M，Hameed K，Vilgalys R，Liao H L. *Mortierella elongata* increases plant biomass among non-leguminous crop species[J]. Agronomy，2020，10(5)：754.

[41] Bei Q，Zhang J H，Huang Q X，Yang C X，Li Y P，Mu R Y，Shu D T，Dai Y C，Megharaj M，He W X，Tian H X. Rhizosphere microbiome-root exudate synergy in *Pteris vittata*：Coordinated arsenic speciation and multielement metabolic coupling drive hyperaccumulation efficiency[J]. Microbial Ecology，2025，88：79.

[42] He X，Wang X L，Li H，Shen J Y，Jiang M C，Zhang X W，Dong Z，Sun K，Nie F，Chen Z W，Zhou Y，An G Y，Wang E T. Synthetic polyploidisation enhances *Fusarium graminearum* tolerance in wheat by reshaping the transcriptome and strengthening the microbiome[J]. Plant Biotechnology Journal，2025，23(11)：5252-5278.

[43] Dean R，Van Kan J A L，Pretorius Z A，Hammond-Kosack K E，Di Pietro A，Spanu P D，Rudd J J，Dickman M，Kahmann R，Ellis J，Foster G D. The top 10 fungal pathogens in molecular plant pathology[J]. Molecular Plant Pathology，2012，13(4)：414-430.

[44] 黄荣，唐利华，郭堂勋，李其利，孙文秀，黄穗萍，陈小林，莫贱友 . 珍珠李枝枯病病原鉴定及致病性测定[J]. 植物病理学报，2022，52(5)：863-866.
Huang Rong，Tang Lihua，Guo Tangxun，Li Qili，Sun Wenxiu，Huang Suiping，Chen Xiaolin，Mo Jianyou. Identification and pathogenicity test of the pathogens of branch blight on pearl plum[J]. Acta Phytopathologica Sinica，2022，52(5)：863-866.

[45] Chu H L，Wang C Y，Wang H H，Chen H，Tang M. Pine wilt disease alters soil properties and root-associated fungal communities in *Pinus tabulaeformis* forest[J]. Plant and Soil，2016，404(1)：237-249.

[46] Lazarus K L，James T Y. Surveying the biodiversity of the Cryptomycota using a targeted PCR approach[J]. Fungal Ecology，2015，14：62-70.

[47] Harman G E，Howell C R，Viterbo A，Chet I，Lorito M. *Trichoderma* species：Opportunistic，avirulent plant symbionts[J]. Nature Reviews Microbiology，2004，2(1)：43-56.

[48] Liu Y X，Ge W，Dong C B，Shao Q Y，Zhang Z Y，Zou X，Hu H Y，Han Y F. The analysis of microbial community characteristics revealed that the pathogens of leaf spot of *Rosa roxburghii* originated from the phyllosphere[J]. Indian Journal of Microbiology，2023，63(3)：324-336.

[49] Khan A L，Hamayun M，Ahmad N，Waqas M，Kang S M，Kim Y H，Lee I J. *Exophiala* sp. LHL08 reprograms *Cucumis sativus* to higher growth under abiotic stresses[J]. Physiologia Plantarum，2011，143(4)：329-343.

[50] Chen T Y，Qu N，Wang J X，Liu Y C，Feng J，Zhang S L，Xu C Y，Cao Z Q，Pan J，Li C L. Effects of different ecological restoration methods on the soil physicochemical properties and vegetation community characteristics of the Baotou light rare earth tailings pond in Inner Mongolia，China[J]. Environmental Science and Pollution Research，2024，31(13)：19725-19737.

[51] Jackson E，Li J，Weerasinghe T，Li X. The ubiquitous wilt-inducing pathogen *Fusarium oxysporum*：A review of genes studied with mutant analysis[J]. Pathogens，2024，13(10)：823.

[52] Bateman G L，Gutteridge R J，Gherbawy Y，Thomsett M A，Nicholson P. Infection of stem bases and grains of winter wheat by *Fusarium culmorum* and *F. graminearum* and effects of tillage method and maize-stalk residues[J]. Plant Pathology，2007，56(4)：604-615.

[53] Carlucci A，Raimondo M L，Santos J，Phillips A J L. *Plectosphaerella* species associated with root and collar rots of horticultural crops in southern Italy[J]. Persoonia - Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi，2012，28(1)：34-48.

[54] Avan M，Atay M. Occurrence and importance of *Chaetomium globosum* as a fungal pathogen on olive leaves in adıyaman province of türkiye[J]. Applied Fruit Science，2024，66(4)：1601-1607.

[55] Yang S D，Liu H W，Xie P H，Wen T，Shen Q R，Yuan J. Emerging pathways for engineering the rhizosphere microbiome for optimal plant health[J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry，2023，71(11)：4441-4449.

[56] Carrillo-Tripp J，De Los Santos-Villalobos S，Sepúlveda E，Martínez-Soto D. Editorial：Study on plant differentiation between beneficial and pathogenic microorganisms[J]. Frontiers in Plant Science，2024，15：1481110.

[57] Xiong W，Song Y Q，Yang K M，Gu Y A，Wei Z，Kowalchuk G A，Xu Y C，Jousset A，Shen Q R，Geisen S. Rhizosphere protists are key determinants of plant health[J]. Microbiome，2020，8(1)：27.