

方少忠, 郭文杰, 郑益平, 等. 土壤不同消毒方式对百合根际真菌群落的影响 [J]. 福建农业学报, 2021, 36 (10): 1217-1223.

FANG S Z, GUO W J, ZHENG Y P, et al. Effects of Disinfection Treatments on Fungal Community in Rhizosphere Soil of *Lilium* 'Conca d'Or' [J].

Fujian Journal of Agricultural Sciences, 2021, 36 (10): 1217-1223.

土壤不同消毒方式对百合根际真菌群落的影响

方少忠¹, 郭文杰¹, 郑益平¹, 张 洁¹, 杨成龙¹, 黄永旺², 林智敏^{1*}

(1. 福建省农业科学院生物技术研究所, 福建 福州 350003; 2. 福建省南平市延平区大横镇
政府农技站, 福建 南平 354200)

摘 要:【目的】通过土壤理化消毒处理, 抑制有害菌落的滋长, 改善百合生长期根际土壤真菌群落生态, 为解决百合连作障碍提供理论依据。【方法】以百合根际土壤为试验材料, 应用热水、棉隆和乙醇进行土壤预处理, 基于 Illumina MiSeq 测序平台, 研究百合重茬地的根际土壤真菌群落结构和丰度的变化趋势。【结果】热水处理对幼苗期百合的生长最优, 棉隆处理对生长起延缓作用。从 4 份土壤样本中获得 472 440 条 ITS 序列, 在 97% 序列相似性基础上可划分为 410 个可操作分类单元 (OTU)。不同处理的真菌种类和相对丰度随着百合生长发育过程呈现不同变化规律, 子囊菌门均为最优势菌群, 热水和棉隆处理对病原菌 (根腐菌和青霉菌) 效果最为明显。丰度聚类分析结果, 3 个发育阶段过程中优势菌群变化较大, 群落结构与 CK 差异显著。【结论】热水和棉隆处理均能有效改善百合根际土壤真菌群落结构, 棉隆属于一种土壤化学处理高效途径, 处理后菌群变化较大, 前期抑制强, 应在处理土壤后增施有益菌, 可获得理想应用效果。

关键词: 百合; 连作障碍; 根际微生物; 高通量测序

中图分类号: S 68

文献标志码: A

文章编号: 1008-0384 (2021) 10-1217-07

Effects of Disinfection Treatments on Fungal Community in Rhizosphere Soil of *Lilium* 'Conca d'Or'

FANG Shaozhong¹, GUO Wenjie¹, ZHENG Yiping¹, ZHANG Jie¹,
YANG Chenglong¹, HUANG Yongwang², LIN Zhimin^{1*}

(1. Horticultural Biotechnology Laboratory, Institute of Biotechnology, Fujian Academy of Agricultural Sciences, Fuzhou, Fujian
350003, China; 2. Agricultural Technology Station of Daheng Town Government, Yanping District,
Nanping, Fujian 354200, China)

Abstract: 【Objective】Physical and chemical means of disinfection were applied on soil to determine the effects on the fungal community in the rhizosphere as well as the growth of *Lilium* 'Conca d'Or' under continuous cropping. 【Methods】The rhizosphere soil was disinfected with hot water, dazomet, or alcohol. Illumina MiSeq sequencing was employed to determine the structure and abundance of the rhizosphere fungal community before and after the treatments. Effect of the treatments on the growth of *Lilium* seedlings was observed. 【Result】The hot water treatment was best for the growth of *Lilium* seedlings, while dazomet delayed it. A total of 472,440 ITS sequences were obtained from the 3 treatment and one control samples. They were divided into 410 operational taxa (OTUs) at a 97% similarity. The species and relative abundance of fungi in the soils varied among the samples and changed during the growth and development of the plants. Ascomycete was the most dominant flora in all samples. Both treatments of hot water and dazomet exerted the most significant effects on pathogens such as root fungus and penicillium. As indicated by the abundance cluster analysis, flora dominance altered significantly in 3 development stages, and the community structure in the treatment soils differed significantly from control. 【Conclusion】Disinfection by either hot water or dazomet could effectively improve the fungal community structure in the *Lilium* rhizosphere soil. Dazomet was an effective chemical disinfectant which significantly inhibited fungal growth in general at the early stage after the

收稿日期: 2021-05-17 初稿; 2021-09-10 修改稿

作者简介: 方少忠 (1969-), 男, 硕士, 副研究员, 主要从事园艺栽培相关研究 (E-mail: 2929115638@qq.com)

* 通信作者: 林智敏 (1976-), 男, 博士, 副研究员, 研究方向: 主要从事园艺植物分子育种相关研究 (E-mail: lzmfaas@sina.com)

基金项目: 福建省科技计划公益类专项 (2019R1027-10)

application. Therefore, to maximize the desired final result it was highly recommended that beneficial bacteria be added following the disinfecting treatment.

Key words: *Lilium*; continuous cropping; rhizosphere microorganisms; high throughput sequencing

0 引言

【研究意义】根际微生物种类众多,是连结植物根系与土壤的狭窄区域,是影响许多生物生长的活跃界面,也是地球上最复杂的生态系统之一^[1]。根际的生物种类主要包括细菌、真菌、卵菌、线虫、原生动物、藻类、病毒、古细菌和节肢动物^[2-3]。根际生物主要分为两个类群:其中一类与植物健康生长有关,主要是固氮菌、菌根真菌、促生菌、生防菌、真菌;另一类是不利于植物健康生长的根际生物,包括病原真菌、卵菌和细菌^[4]。此外,土壤真菌在土壤养分循环与陆地生态系统中起着至关重要的作用^[5]。一方面,植物的丰富度和植被盖度直接影响了土壤真菌和真菌对土壤养分的吸收^[6],另一方面土壤性状,包括土壤理化性质、土壤营养成分和一些微量元素,有利于土壤以真菌为主的网状结构形成,即土壤真菌群落^[7]。单一栽培品种在农业生态系统中对真菌多样性的影响是一个普遍现象^[8-9],连续种植的百合容易引起土壤真菌病害的发生^[10]。百合通常 3 年种植才收获或常年种植切花,容易产生土传病害。已经报道的百合真菌性病害有 22 种^[11],主要是枯萎病、灰霉病、叶枯病、根腐病,其中枯萎病属真菌性的土传病害,由尖孢镰刀菌和茄腐镰刀菌感染引起,对百合植株的危害十分严重,很大程度影响了百合切花的质量和产量^[12]。因此通过土壤消毒方式,改变百合土壤真菌群落生态,从而防治百合真菌病害,具有重要意义。【前人研究进展】近年来,高通量测序技术已应用于土壤根际微生物的多样性研究。研究学者以植物种质根际细菌群落的分布以确定核心微生物的组成,通过焦磷酸测序 16S rRNA 分析土壤根际和内生根室的细菌片段,获得土壤不同类型的群落^[13]。2010 年 Bates 等^[14]选取 146 份土壤样本,筛选出一套通用的引物几乎区分开所有的细菌和古生菌类群。1990 年 White 等^[15]通过 PCR 方法扩增真菌的 ITS 序列进行聚类分析。利用非化学手段处理作物土壤以降低真菌病害,已有相关报道。El-Gali 等^[16]对扁豆苗圃苗床土壤以热水消毒,土壤的尖孢镰刀菌、茄病镰刀菌和腐霉的繁殖体大大减少;张春怡^[17]等采用熏蒸材料土壤消毒结合微生物菌剂处理,高通量测序显示能显著降低根际真菌 Ace、Chao 和 Shannon 指数,茄子黄萎病得到有效防控;胡洪涛等^[18]采用棉隆消毒土壤,对

甘蓝根肿病的防效达 91.56%,高通量测序结果有 15 个属的真菌丰度发生显著改变。【本研究切入点】采用高通量测序技术,探讨土壤不同消毒方式对百合根际真菌群落的影响,筛选出抑制百合有害真菌病原且提高有益真菌的方法,尚待深入研究。【拟解决的关键问题】本研究以福建南平延平百合基地根际土壤为研究对象,采用 Illumina Miseq 高通量测序技术对真菌 V3~V5 区和 ITS1 区片段进行测序,对根际土壤的真菌群落多样性分析,结合田间棉隆、热水和乙醇处理对应的效果,获得有效解决百合连作问题的物理或化学途径,并从分子水平揭示百合根际土壤真菌群落的多样性和滋生特点,以期百合根际土壤真菌的良性生态构建提供一定的理论参考。

1 材料与方法

1.1 试验地概况

试验位于福建省南平市延平区王台镇罗源村南平市兴一春百合园艺有限公司百合基地,属中亚热带海洋季风气候,年均气温 17.3 ℃,年降水量 1669 mm。试验地土壤类型为红壤,0~10 cm 土层的基本理化性质:pH 5.2,有机质 15.3 g·kg⁻¹,碱解氮 66.1 mg·kg⁻¹,速效磷 54.2 mg·kg⁻¹,速效钾 269 mg·kg⁻¹,全氮 800 mg·kg⁻¹,全磷 450 mg·kg⁻¹,全钾 39.9 g·kg⁻¹。

1.2 试验设计

试验地百合种球均经过夏季采收后(5~7月)长达 2 个月的传统漫灌浸泡过程,排水晾干,于 2019 年 12 月 11 日开始种植(种植时间安排依据南平地区农户每年百合种球切花种植时间)。选取常年种植百合品种木门(ConcaD'or)的地块,设置 4 个处理:①棉隆处理(F、J、N),每块小区取 98% 棉隆微粒剂 150 g 与土壤搅拌均匀,覆盖不透气的塑料膜,用开沟压边法(内侧压土)密封好四边,塑料膜覆盖半个月后,再掀膜透气半个月后再种球;②热水处理(D、H、L),每块地灌入 50 ℃ 热水后薄膜覆盖保持土壤温度;③乙醇处理(E、I、M),每块小区喷施 2% 乙醇 10 kg,用塑料膜覆盖半个月后,再掀膜透气;④对照组 CK(G、K、O)。试验地四周设有保护行,每个处理 3 个小区,总共 12 块小区,每块小区 1.2 m×3 m,随机分布。种球围径 14~16 cm,每个小区种植 10 行,每行 9 粒球,球间距 15 cm,种植深度 15 cm。

1.3 研究方法

1.3.1 样本采集 样本采集于 2020 年 1 月、3 月和 4 月，在 4 个不同处理组中进行，按照五点取样法，采集表层土壤（0~15 cm）共计 1 kg 左右，每个样地设 3 个样方。土壤取样分为 3 个时期：1）幼苗期（D、E、F、G）：百合植株长到 10 cm 左右进行一次取样；2）现蕾期（H、I、J、K）：百合植株开始现蕾时进行第二次取样；3）成花期（L、M、N、O）：百合花苞开始采摘时进行第三次取样。土壤样品过 4 目筛后分成 2 份，保存于 4 ℃ 冰箱。

1.3.2 DNA 提取和 Illumina 测序 土壤微生物总 DNA 采用 PowerSoil Kit（MoBio Laboratories Carlsbad, CA, USA）试剂盒提取，DNA 用 NanoDrop ND-1000 分光光度计分析（Thermo, USA），质量浓度为 20 ng·μL⁻¹，质量合格的 DNA 储存于-20 ℃ 用于后续分析。

1.3.3 序列分析和真菌鉴定 标准真菌 ITS 测序引物：上游引物 ITS5F：5'-GGAAGTAAAAGTCGT AACAAGG-3'，下游引物 ITS1R：5'-GCTGCGTTC TTCATCGATGC-3'。PCR 扩增体系（25 μL）：5× reaction buffer 5 μL，5×GC buffer 5 μL，dNTP（2.5 mmol·L⁻¹）2 μL，ITS5F（10 μmol·L⁻¹）1 μL，ITS1R（10 μmol·L⁻¹）1 μL，DNA Template 2 μL，ddH₂O 8.75 μL，Q5® High-Fidelity DNA Polymerase 0.25 μL。反应程序：预变性 98 ℃ 2 min；变性 98 ℃ 15 s，退火 55 ℃ 30 s，延伸 72 ℃ 30 s，25~30 个循

环；再延伸 72 ℃ 5 min，10 ℃ 保温。扩增产物 280 bp 大小，PCR 产物用 VAHTSTM DNA 磁珠纯化（诺维赞，南京），并用 Quant-iT PicoGreen dsDNA 检测试剂盒定量（Invitrogen，美国）对 PCR 产物在 Microplate reader (BioTek, FLx800) 上进行定量。

1.3.4 试验上机流程 整个上机流程包括 PCR 的扩增、PCR 产物的混样、纯化，文库的构建和上机测序流程由上海派森诺生物科技股份有限公司完成。本试验中，基于 Illumina MiSeqPE250 测序平台，利用双末端测序的方法对 16S rDNA 高变区 V3~V5 区和 ITS1 区域进行测序。生物信息学分析依据 QIIME2 2019.4。

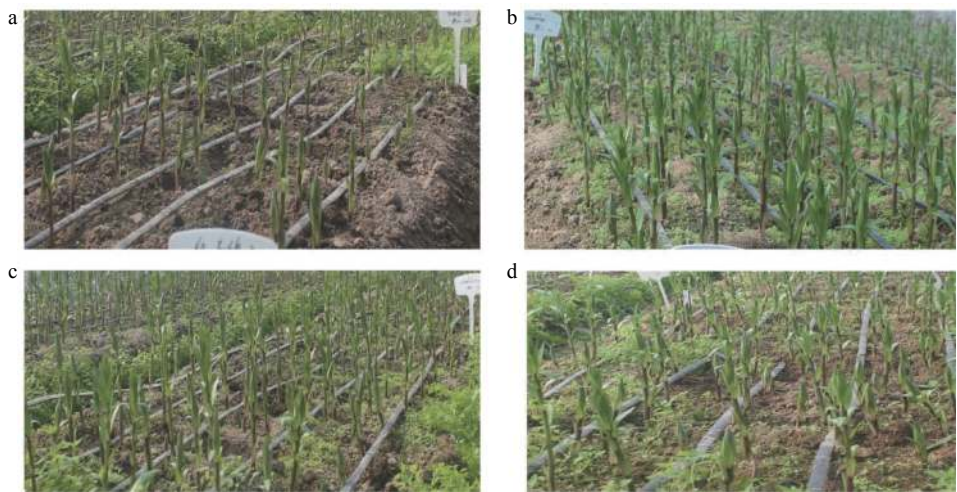
1.4 数据处理与分析

在相似性 97% 的水平上对 Tags 序列进行聚类（USEARCH，version 10.0），以测序所有序列数的 0.005% 作为阈值过滤 OTU，进行组间差异显著性（LEfSe）分析，alpha 指数、Beta 多样性分析^[19]。

2 结果与分析

2.1 不同处理对百合幼苗期生长发育的影响

如图 1 所示，通过棉隆、热水和乙醇处理，对幼苗期百合的生长性状观察，与 CK 对照组（图 1d）相比，热水处理（图 1c）植株生长农艺性状较为一致，且株高最高，其次为乙醇（图 1b）和 CK 对照，而经棉隆处理（图 1a）的百合在生长的幼苗期生长缓慢，受到棉隆的抑制。



注：a，棉隆处理；b，乙醇处理；c，热水处理；d，空白对照。

Note: a: dazomet treatment; b: alcohol treatment; c: hot water treatment; d: control.

图 1 不同处理百合幼苗期田间生长性状

Fig. 1 Growth of *Lilium* seedlings after treatments

2.2 不同处理土壤真菌群落多样性

如图 2 所示，经过质量控制后，总共得到

472440 条高质量序列（每个样品 23488~59592 条序列）（图 2a），410 个 OTU（每个样品 378~471

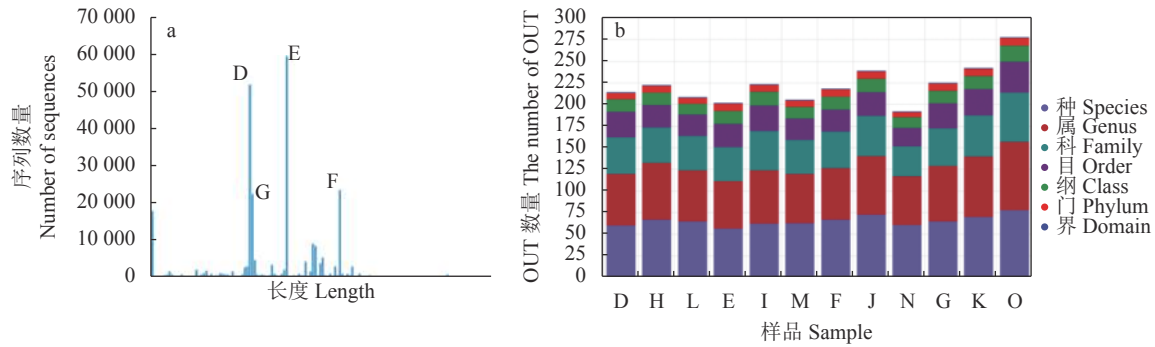


图 2 不同处理对百合真菌群落多样性的影响

Fig. 2 Effect of disinfection on fungal community diversity of *Lilium* rhizosphere soil

个 OTU), 这些 OTU 归属于 13 个门, 22 个纲, 16 个目, 11 个科, 47 个属和 85 个种 (图 2b)。

2.3 不同处理土壤真菌物种分类统计

由图 3 可看出, 各组样品优势菌属主要分布在被孢霉门 (Mortierellomycota)、子囊菌门 (Ascomycota)、担子菌门 (Basidiomycota)、毛霉门 (Mucoromycota)、丝足虫类 (Cercosia)、壶菌门 (Chytridiomycota)、Aphelidiomycota、罗兹菌门 (Rozellomycota)、浮霉菌门 (Blastocladiomycota)、蛙粪霉门 (Basidiobolomycota) 和捕虫霉门 (Zoopagomycota)。其中子囊菌门相对丰度最高, 其次是担子菌门。4 个处理组分别都是子囊菌门 > 担子菌门 > 被孢霉门, 其中热水处理组在成花期时被孢霉门增至 20.94%, 变化幅度最大; 棉隆组在现蕾期和成花期时担子菌门下调幅度最大。

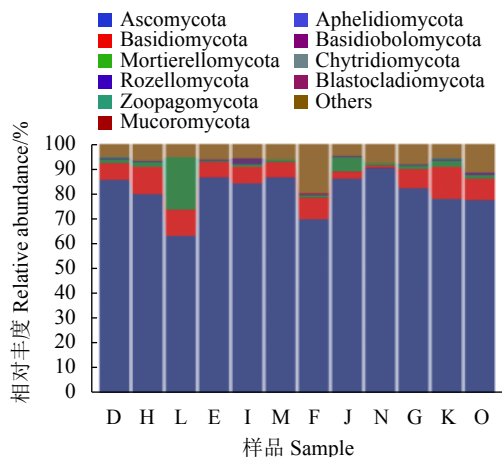


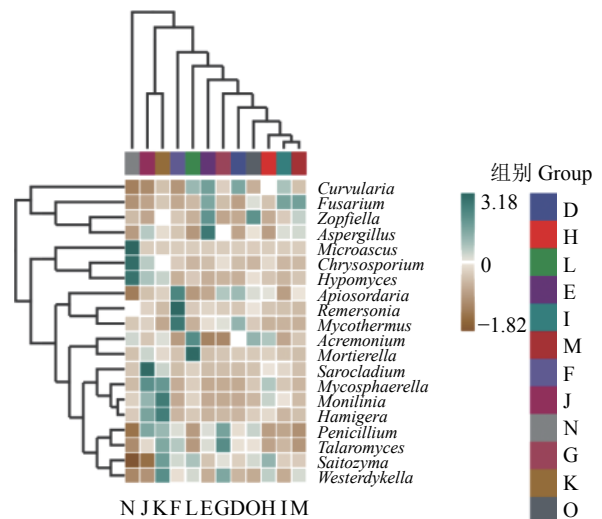
图 3 不同处理土壤真菌的相对丰度

Fig. 3 Relative abundance of fungi genera in soils

2.4 不同处理土壤间有差异的真菌物种分析

从图 4 纵向聚类结果看, 不同处理在属分类水平上主要是青霉菌属 (*Penicillium*)、篮状菌属 (*Talaromyces*)、沙蜥属 (*Saitozyma*)、海洋真菌 (*Westerdykella*) 距离较近, 枝长较短; 紧密帚枝霉

(*Sarocladium*)、球腔菌属 (*Mycosphaerella*)、核果褐腐病菌 (*Monilinia*)、榛色钩囊菌 (*Hamigera*) 距离较近, 枝长较短; 绿藻源真菌 (*Acremonium*)、被孢霉菌 (*Mortierella*) 距离较近; 酵母属 (*Remersonia*)、嗜热真菌属 (*Mycothermus*) 距离较近; 微囊菌属 (*Microascus*)、金孢属 (*Chrysosporium*)、寄生属 (*Hypomyces*) 距离较近; 月状弯孢霉 (*Curvularia*)、镰刀菌 (*Fusarium*)、阔足柄孢壳菌 (*Zopfella*)、麴菌 (*Aspergillus*) 距离较近; 说明这些菌群在各样品中组成较相似。



注: 颜色越黄土赭色表明丰度越低; 反之, 颜色越蓝代表丰度越高。
Note: the more loess and ochre the color is, the lower the abundance; conversely, the bluer the color, the higher the abundance.

图 4 不同处理组真菌差异物种相对丰度热图

Fig. 4 Heat map of fungi relative abundance in soils

根据 OTU 丰度进行聚类分析, 评判百合不同发育时期在属水平上群落结构的差异性和相似性。结果表明, 3 个发育阶段的优势菌群存在明显差异。在百合幼苗期主要的优势菌是热链球菌属 (*Mycothermus*)、酵母属 (*Remersonia*)、曲霉属 (*Aspergillus*) 和子囊菌 (*Zopfella*); 现蕾期优势菌是海洋真菌

(*Westerdykella*)、钩囊菌 (*Hamigera*)、链核盘菌属 (*Monilinia*) 和镰刀菌属 (*Fusarium*)；成花期优势菌是被孢霉属 (*Mortierella*)、寄生菌属 (*Hypomyces*)、金孢子菌属 (*Chrysosporium*) 和微囊菌属 (*Microascus*)。此外，3 个不同处理组之间在 3 个百合发育阶段的菌群变化也较为明显，其中棉隆处理菌群变化较大，后期主要是引起寄生菌属 (*Hypomyces*)、金孢子菌属 (*Chrysosporium*) 和微囊菌属 (*Microascus*) 的增加，在百合生长期主要病原菌镰刀菌属 (*Fusarium*) 丰度一直维持在低水平，而益生菌酵母属 (*Remersonia*) 同时受到抑制，丰度不断下降；热水处理后期被孢霉属 (*Mortierella*)、酵母属 (*Remersonia*) 增加；乙醇处理后期主要是引起曲霉属 (*Aspergillus*) 和子囊菌 (*Zopfiella*) 减少；空白对照组后期主要是子囊菌 (*Zopfiella*) 增加。

根腐病菌和青霉菌属是引起百合地下根腐和基腐病的 2 个主要病原菌。高通量测序结果如图 5 所示，3 种处理和对照组之间百合主要的 2 种病原菌根的发生规律是不同的，2 种病原菌占全部真菌比例 (百分比) 存在明显差异。乙醇在各个阶段中这 2 种病原菌的百分比含量基本保持不变，而 CK 组是随着生长发育过程，2 种病原菌也同样滋生生长，而热水处理和棉隆处理组中 2 种病原菌随着生长发育不断减少，尤其在成花期时基本消失。

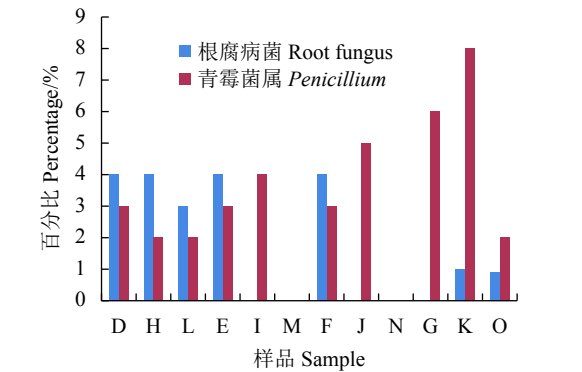


图 5 3 个不同生长阶段中 2 种主要病原菌的百分比变化
Fig. 5 Changes on proportion of 2 major pathogens at 3 *Lilium* growth stages

2.5 基于 OTUs 的主坐标分析及样品间的 NMDS 分析

由图 6 可知，进一步基于样本 OTU 水平的相异系数 bray-curtis 距离矩阵进行主坐标分析表明，热水、乙醇和棉隆处理组真菌群落结构与 CK 差异显著 ($P < 0.01$)，第一主成分解释了群落结构差异的 53.2%，第二主成分解释了群落结构差异的 20.1% (图 6a)；热水处理组、乙醇处理组、棉隆处理组和 CK 组距离较远，相似性低，差异程度大 (图 6b)；各处理均能显著改变真菌群落结构。

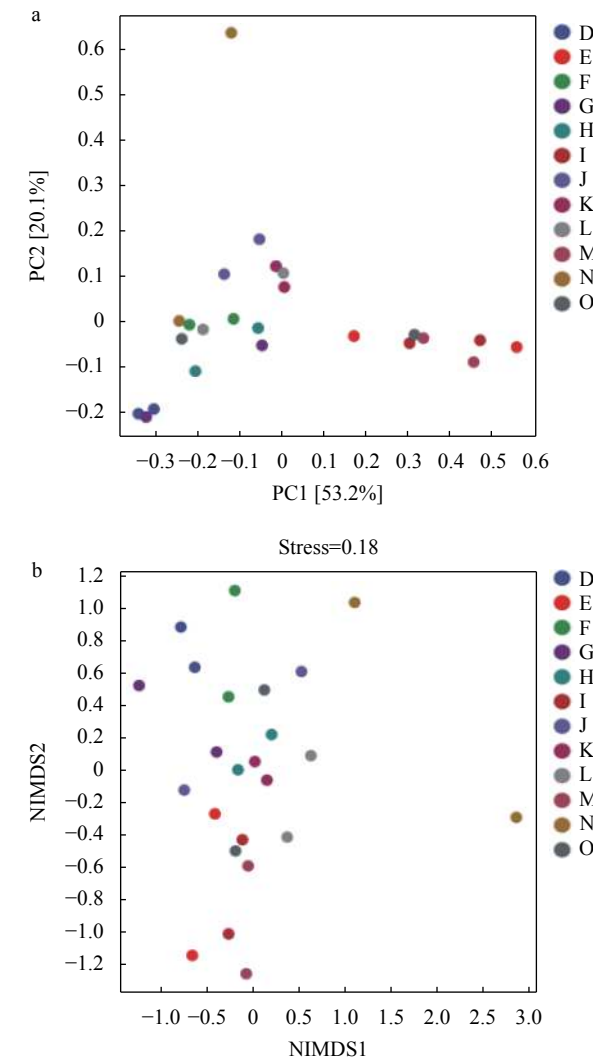


图 6 不同处理真菌菌群主坐标及 NMDS 分析
Fig. 6 Principal coordinates and NMDS analyses on fungal community under different treatments

3 讨论与结论

百合作为一种经济价值很高的园艺植物，除了鲜花百合，还有食药百合。国内百合种植主产区分布于福建、广东、云南、甘肃及江西等地，各地随着常年重茬，百合病害发生不断扩大，其中最为主要的是真菌性病害^[20]。百合系列品种，不管是北方还是南方，通常种植在温室大棚中，因多年连作，真菌病害相对严重，主要是丝核菌、疫霉菌和腐霉菌等^[21]；此外，通过系统调查研究表明，福建省百合真菌病害 (12 种) 主要包括炭疽病、灰霉病、曲霉病、枯萎病等^[22]。由于真菌病害在发病潜伏期和初期在地上部很难通过肉眼观测分析，因此百合通常连作障碍克服方法包括：农业防治、化学防治和生物防治方法^[23]，例如：采取倒茬轮作、土壤改良、生防菌和土壤消毒等措施进行有效的防治研究。

研究表明,连作会影响设施栽培百合土壤中益生菌与致病菌群间的平衡关系,易形成连作障碍^[24]。百合根际土壤微生物种类和数量因其不同的生长发育阶段和品种的差异而改变^[25]。本文中通过真菌物种分类分析表明,4个组别中土壤的优势菌在不同生育期都发生变化,尤其是热水处理在百合成花期被孢霉门提高至20.94%,此外,棉隆处理在现蕾期和成花期担子菌门下调最为明显;2种病原菌(根腐病菌和青霉菌属)随着生长发育过程,在成花期阶段不发生。同时热水处理对百合植株的田间农艺性状表现最好,不仅生长速度一致,而且幼苗期生长快速,棉隆处理虽然后期对病原菌具有抑制作用,但幼苗期生长缓慢,后期完全恢复,说明棉隆的残留致使前期植株生长受到一定抑制。虽然先前研究对百合重茬的药效试验结果也表明棉隆效果最佳^[26],但建议利用棉隆进行克服连作障碍的处理,应该还要考虑棉隆残留影响和中后期益生菌等配合使用为优。

土壤类型是影响真菌种群的重要因素之一,对土壤真菌物种丰度、Alpha多样性、Beta多样性均有显著影响^[27]。相比于传统的微生物平板培养法和生物标记法等土壤微生物研究方法,高通量测序技术可以解决无法培养的土壤微生物菌群,覆盖度更高,多样性和丰富度更好^[28]。通过土壤真菌群落多样性分析表明,OUT数量、物种数目、真菌的多样性和丰富度很高。总真菌群落存在差异,棉隆处理(F)最高,空白对照(G)次之,热水处理与乙醇处理菌落数量差异不大。4个组别中子囊菌门相对丰度最高,是绝对的优势菌群,其次是担子菌门和被孢霉门。如热水处理后期引起被孢霉属增加,研究表明被孢霉菌株将可能显著提高了土壤可溶性有机碳^[29];其次,酵母属可能对土壤修复起一定的作用^[30],所以推测这些益生真菌滋生可能与热水处理之间有一定的关联。

本研究结果表明,通过对百合土壤的不同方法处理,各组土壤根际微生物发生了显著变化,除棉隆处理外,热水处理和乙醇处理相对空白对照总菌群数减少。在真菌群落组成中,土壤根际真菌主要以子囊菌门为主,热水处理不仅降低了有害菌(根腐病菌和青霉菌属),而且提高了有益菌被孢霉门和酵母属,促进了百合在幼苗期的良好生长,从研究角度上看,它是解决百合连作障碍的一条有效物理防治方法。但考虑到热水处理在南方地区的田间推广难度大,可操作性差,因此,建议棉隆应充分解除残留后,增施有益菌是最为有效快速解决连作障碍的方法。

参考文献:

- [1] 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.
- [2] BONKOWSKI M, VILLENAVE C, GRIFFITHS B. Rhizosphere fauna: The functional and structural diversity of intimate interactions of soil fauna with plant roots [J]. *Plant and Soil*, 2009, 321 (1/2): 213–233.
- [3] BUÉE M, BOER W, MARTIN F, et al. The rhizosphere zoo: An overview of plant-associated communities of microorganisms, including phages, bacteria, Archaea, and fungi, and of some of their structuring factors [J]. *Plant and Soil*, 2009, 321 (1/2): 189–212.
- [4] BAKKER P A H M, DOORNBOS R F, ZAMIOUDIS C, et al. Induced systemic resistance and the rhizosphere microbiome [J]. *The Plant Pathology Journal*, 2013, 29 (2): 136–143.
- [5] YANG Y, CHENG H, DOU Y X, et al. Plant and soil traits driving soil fungal community due to tree plantation on the Loess Plateau [J]. *Science of the Total Environment*, 2020, 708: 134560.
- [6] JIANG Y N, WANG W X, XIE Q J, et al. Plants transfer lipids to sustain colonization by mutualistic mycorrhizal and parasitic fungi [J]. *Science*, 2017, 356 (6343): 1172–1175.
- [7] CHEN W L, KOIDE R T, EISENSTAT D M. Nutrient foraging by mycorrhizas: From species functional traits to ecosystem processes [J]. *Functional Ecology*, 2018, 32 (4): 858–869.
- [8] SHI G Y, SUN H Q, CALDERÓN-URREA A, et al. Soil fungal diversity loss and appearance of specific fungal pathogenic communities associated with the consecutive replant problem (CRP) in lily [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2020, 11: 1649.
- [9] LIU X, ZHANG J L, GU T, et al. Microbial community diversities and taxa abundances in soils along a seven-year gradient of potato monoculture using high throughput pyrosequencing approach [J]. *PLoS One*, 2014, 9 (1): e86610.
- [10] XIONG W, ZHAO Q Y, ZHAO J, et al. Different continuous cropping spans significantly affect microbial community membership and structure in a *Vanilla*-grown soil as revealed by deep pyrosequencing [J]. *Microbial Ecology*, 2015, 70 (1): 209–218.
- [11] 叶世森, 林芳. 百合真菌性病害化学防治方法的研究 [J]. *福建林业科技*, 2007, 34 (3): 65–68.
YE S S, LIN F. Study on chemical control of lily fungus diseases [J]. *Journal of Fujian Forestry Science and Technology*, 2007, 34 (3): 65–68. (in Chinese)
- [12] 张丽丽. 百合抗枯萎病研究[D]. 保定: 河北农业大学, 2013
ZHANG L L. *Study on Wilt-resistance of Lily*[D]. Baoding, China: Hebei Agricultural University, 2013. (in Chinese)
- [13] BULGARELLI D, ROTT M, SCHLAEPI K, et al. Revealing structure and assembly cues for *Arabidopsis* root-inhabiting bacterial microbiota [J]. *Nature*, 2012, 488 (7409): 91–95.
- [14] BATES S T, BERG-LYONS D, CAPORASO J G, et al. Examining the global distribution of dominant archaeal populations in soil [J].

- The ISME Journal*, 2011, 5 (5) : 908–917.
- [15] WHITE T J, BRUNS T, LEE S, et al. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics[M]// PCR Protocols. Amsterdam: Elsevier, 1990: 315–322.
- [16] EL-GALI Z I. Comparison of natural soil sterilization methods and their effects on soil inhabitant fungi[J]. *Nature and Science*, 2014, 12(4).
- [17] 张春怡, 曲红云, 桑平, 等. 土壤消毒结合微生物菌剂防控茄子黄萎病及对根际真菌群落结构的影响 [J]. *北方园艺*, 2020 (7): 27–35.
- ZHANG C Y, QU H Y, SANG P, et al. Effect of soil disinfection combined with microbial agents on control of eggplant *Verticillium* wilt and its relationship to rhizosphere fungi community structure [J]. *Northern Horticulture*, 2020 (7) : 27–35. (in Chinese)
- [18] 胡洪涛, 朱志刚, 焦忠久, 等. 棉隆土壤消毒对高山甘蓝根肿病的防效及土壤真菌群落的影响 [J]. *华中农业大学学报*, 2019, 38 (3): 25–31.
- HU H T, ZHU Z G, JIAO Z J, et al. Effects of soil disinfection by dazomet on control efficacy of cabbage clubroot disease and soil fungal communities in high mountain area [J]. *Journal of Huazhong Agricultural University*, 2019, 38 (3) : 25–31. (in Chinese)
- [19] LOZUPONE C, KNIGHT R. UniFrac: a new phylogenetic method for comparing microbial communities [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2005, 71 (12) : 8228–8235.
- [20] 王芳, 孙秀华, 冯奕明. 九种杀菌剂对广东百合真菌性病害的防治效果 [J]. *农药*, 2003, 42 (4): 30–31.
- WANG F, SUN X H, FENG Y L. Control with nine fungicides against lily fungal diseases in Guangdong [J]. *Pesticides*, 2003, 42 (4) : 30–31. (in Chinese)
- [21] 张永平. 东方百合设施栽培中几种真菌病害的诊断与防治 [J]. *北方园艺*, 2010 (23): 153–154.
- ZHANG Y P. Diagnosis and control of several fungal diseases in Oriental lily's facility cultivation [J]. *Northern Horticulture*, 2010 (23) : 153–154. (in Chinese)
- [22] 陈秋萍. 福建省百合病害调查初报 [J]. *福建林学院学报*, 2000, 20 (2): 162–164.
- CHEN Q P. The survey and preliminary analysis on the *Lilium* spp. diseases in Fujian [J]. *Journal of Fujian College of Forestry*, 2000, 20 (2) : 162–164. (in Chinese)
- [23] 陈军华, 吴剑锋, 方洁, 等. 百合连作障碍形成机制及防治技术研究进展 [J]. *长江蔬菜*, 2019 (20): 41–47.
- CHEN J H, WU J F, FANG J, et al. Research progress on formation mechanisms and control techniques of continuous cropping obstacles in *Lilium* spp [J]. *Journal of Changjiang Vegetables*, 2019 (20) : 41–47. (in Chinese)
- [24] 李晶晶, 续勇波. 连作年限对设施百合土壤微生物多样性的影响 [J]. *土壤通报*, 2020, 51 (2): 343–351.
- LI J J, XU Y B. Effects of continuous cropping years of lily on soil microbial diversities under greenhouse cultivation [J]. *Chinese Journal of Soil Science*, 2020, 51 (2) : 343–351. (in Chinese)
- [25] 张亮, 程智慧, 周艳丽, 等. 百合生育期根际土壤微生物和酶活性的变化 [J]. *园艺学报*, 2008, 35 (7): 1031–1038.
- ZHANG L, CHENG Z H, ZHOU Y L, et al. Variation of microbial biomass and enzyme activities in the rhizosphere soil of lily at different developmental periods [J]. *Acta Horticulturae Sinica*, 2008, 35 (7) : 1031–1038. (in Chinese)
- [26] 邵小斌, 赵统利, 朱朋波, 等. 不同药剂对百合重茬病害的药效试验 [J]. *现代农业科技*, 2009 (8): 76.
- SHAO X B, ZHAO T L, ZHU P B, et al. Pesticide effect for different agents on Lily recrop disease [J]. *Xiandai Nongye Keji*, 2009 (8) : 76. (in Chinese)
- [27] 萨如拉, 杨恒山, 邵继承, 等. 秸秆还田条件下腐熟剂对不同质地土壤真菌多样性的影响 [J]. *中国生态农业学报(中英文)*, 2020, 28 (7): 1061–1071.
- SA R L, YANG H S, TAI J C, et al. Effect of straw maturing agents on fungal diversity in soil with different textures under returned straw conditions [J]. *Chinese Journal of Eco-Agriculture*, 2020, 28 (7) : 1061–1071. (in Chinese)
- [28] 劳承英, 申章佑, 周灵芝, 等. 基于高通量测序的淮山根际土壤真菌多样性分析 [J]. *西南农业学报*, 2021, 34 (1): 71–76.
- LAO C Y, SHENZHANG Y, ZHOU L Z, et al. Analysis on rhizosphere soil fungal diversity of yam with high throughput sequencing [J]. *Southwest China Journal of Agricultural Sciences*, 2021, 34 (1) : 71–76. (in Chinese)
- [29] 宁琪, 陈林, 李芳, 等. 被孢霉对土壤养分有效性和秸秆降解的影响 [J]. *土壤学报*, 2020.
- NING Q, CHEN L, LI F, et al. Effects of *Mortierella* on nutrient availability and straw decomposition in soil[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2020.
- [30] 宋凤敏. 酵母菌在环境污染治理中的应用与进展 [J]. *环境科学与技术*, 2012, 35 (5): 71–75, 115.
- SONG F M. Application and progress on environmental pollution control using yeasts [J]. *Environmental Science & Technology*, 2012, 35 (5) : 71–75, 115. (in Chinese)

(责任编辑：翁志辉)