

不同基质配比下黄瓜根际细菌群落结构及多样性分析

陈宏昊, 唐小付*, 聂圣贤, 林佳佳, 魏 西, 刘 婷, 任昊奎

广西大学农学院, 广西南宁 530004

摘 要: 分析菇渣、锯末不同比例配比下黄瓜植株根际细菌群落结构特征发现, 菇渣和锯末复配基质可替代常规商品基质泥炭(CK)栽培黄瓜, 为新型基质栽培模式的应用提供依据。与 CK 相比, 用菇渣、锯末按照 3 种不同比例复配组成的基质栽培黄瓜, 其产量、根际细菌多样性和丰富度指数间均显著提高, 同时还影响根际细菌的代谢功能, 其中菇渣与锯末比例为 1 : 1 时(T_2)表现最佳。在门分类水平上, 菇渣、锯末复配基质栽培条件下黄瓜植株根际中变形菌门(*Proteobacteria*)细菌丰度占比均低于 CK, 但拟杆菌门(*Bacteroidota*)细菌丰度占比均高于 CK, 且拟杆菌门(*Bacteroidota*)是菇渣、锯末复配基质栽培共有的优势细菌门类。在属分类水平上, *unclassified_c__Gammaproteobacteria*、利姆诺杆菌属(*Limnobacter*)和朱氏杆菌属(*Chujaibacter*)是 CK 条件下黄瓜植株根系特有的优势细菌属; 慢生根瘤菌属(*Bradyrhizobium*)、短波单胞菌属(*Brevundimonas*)、*Dokdonella* 属是菇渣与锯末比例为 1 : 3 (T_1)处理下特有的优势细菌属; 菇渣与锯末比例分别为 1 : 1 (T_2)和 3 : 1 (T_3)条件下黄瓜植株根际未发现特有的优势细菌属。通过物种 Venn 分析, 在种分类水平上, 菇渣与锯末复配比例在 1 : 3 (T_1)、1 : 1 (T_2)和 3 : 1 (T_3)处理下均增加了黄瓜植株根际细菌种分类水平数量, 提升了根际细菌丰富度和多样性。

关键词: 黄瓜; 高通量测序; 细菌群落结构; 功能预测

中图分类号: S642.2 文献标识码: A

Analysis of Cucumber Rhizosphere Bacterial Community Structure and Diversity under Different Matrix Ratios

CHEN Honghao, TANG Xiaofu*, NIE Shengxian, LIN Jiajia, WEI Xi, LIU Ting, REN Haokui

College of Agronomy, Guangxi University, Nanning, Guangxi 530004, China

Abstract: The structural characteristics of the rhizosphere bacterial communities of cucumber plants under different proportions of mushroom residue and sawdust were analyzed, and it was found that mushroom residue and sawdust compound substrate could replace conventional commercial matrix peat (CK) cultivation cucumber, which providing a basis for the application of a new substrate cultivation mode. Compared with CK, cucumber cultivated with substrate composed of mushroom residue and sawdust in three different proportions significantly increased its yield, rhizosphere bacterial diversity and richness index, and also affected the metabolic function of rhizosphere bacteria, among which the ratio of mushroom residue to sawdust was 1 : 1 (T_2). At the classification level, the proportion of bacterial abundance in *Proteobacteria* of cucumber plants under the cultivation of mushroom residue and sawdust compound substrate was lower than that of CK, but the proportion of bacterial abundance of *Bacteroidota* was higher than that of CK, and *Bacteroidota* was the dominant bacterial phylum shared by mushroom residue and sawdust compound substrate cultivation. At the taxonomic level, *unclassified_c__Gammaproteobacteria*, *Limnobacter* and *Chujaibacter* were the dominant bacterial genera unique to the root system of cucumber plants under CK conditions. *Bradyrhizobium*, *Brevundimonas*, and *Dokdonella* were the dominant bacterial genera with a 1 : 3 (T_1) ratio of mushroom residue to sawdust. Under the conditions of 1 : 1 (T_2) and 3 : 1 (T_3) ratios of mushroom residue to sawdust, respectively, no dominant bacterial genus

收稿日期 2022-11-03; 修回日期 2023-01-05

基金项目 广西重点研发计划项目(桂科 AB1850031, 桂科 AB19245016, 桂科 AB23026097)。

作者简介 陈宏昊(1996—), 男, 硕士, 研究方向: 农艺与种业。*通信作者(Corresponding author): 唐小付(TANG Xiaofu), E-mail: tang_xiaofu@163.com。

was found in the rhizosphere of cucumber plants. Through species Venn analysis, the ratio of mushroom residue to sawdust at the species classification level increased the number of rhizobacteria species in cucumber plants under the treatment of 1 : 3 (T_1), 1 : 1 (T_2) and 3 : 1 (T_3), and the richness and diversity of rhizosphere bacteria were improved.

Keywords: cucumber; high-throughput sequencing; bacterial community structure; function prediction

DOI: 10.3969/j.issn.1000-2561.2024.03.022

黄瓜 (*Cucumis sativus* L.) 是我国重要的设施蔬菜^[1], 作为城市居民“菜篮子”中最主要的种类之一, 具有较高的食用及营养价值特性, 市场需求量大, 在全国范围内广泛栽培。为了实现周年生产和季节性均衡供应, 生产上一般采用日光温室、塑料拱棚、遮阳网等设施栽培, 由于我国黄瓜设施栽培面积较大, 复种指数高, 常导致土壤板结, 微生物群落平衡破坏^[2-3]以及土传病害的发生, 对黄瓜产量和品质造成不可避免的负面影响。相比之下, 基质栽培能够有效预防和减少土传病害的发生^[4-5], 还能够一定程度上改善栽培作物的根系生长环境, 提高产量和品质, 因此是近年来新兴的栽培模式。

微生物是生态系统中功能活跃, 开发潜力最大、最宝贵、最丰富的生物资源^[6]。根际微生物与植物的生长密切相关, 主要表现在微生物菌落结构、物种及多样性方面与植物的健康生长呈正向关联关系^[7-9], 尤其是一些根际细菌类群, 具有较高的固氮、解磷、解钾和产植物生长素等^[5]。大量研究表明, 内生细菌及根际细菌种群可以定殖在植物根际或其他组织内^[10], 具有抑制病原菌生长, 诱导植物增强抗病能力、促进生长等作用^[11]。

无土基质栽培技术的实施与开展, 改变了黄瓜在土壤中栽培的固定模式, 越来越多的种植户选择其他基质进行栽培^[12-13]。现阶段, 基质栽培已经应用于沃柑^[14]、番茄^[15]、辣椒^[16]、茼蒿^[17]、蔬菜^[18]、芍药^[19]等经济作物及植物的生产和种植。生产中, 常用的商品基质主要成分草炭为不可再生资源, 受环境和湿地保护的制约, 其采挖已经受到限制^[20]。目前, 常见的复配基质材料有菇渣、椰糠、锯末、花生壳等, 这些材料价格低廉, 简单易得, 可以通过改变材料种类和配比以获得不同作物的最佳配方。周方园等^[5]研究发现, 用基质栽培黄瓜可筛选出对黄瓜幼苗有显著促进作用的有益微生物, 而胡云等^[21]证明, 基质与生物炭可提升黄瓜根际速效磷、速效钾、碱解氮等的质量比, 从而提高黄瓜产量。

虽然前人对基质栽培黄瓜根际微生物多样性做了相关研究, 但目前关于菇渣、锯末按不同比例复配对黄瓜根际菌落环境的影响方面研究鲜见报道。为此, 本研究采用第三代测序技术比较分析了菇渣、锯末不同比例的复配基质对黄瓜植株根际细菌群落的影响, 为菇渣、锯末复配的新型基质栽培模式应用提供依据。

1 材料与方法

1.1 材料

1.1.1 试验地概况 试验地位于广西壮族自治区南宁市西乡塘区广西大学农学院蔬菜试验基地 (22°51.2'N, 108°18'E)。

1.1.2 试验材料 供试黄瓜品种为津优 186 号, 购买自天津科润农业科技股份有限公司。

供试基质: 菇渣 (凤尾菇菇渣), 购买自南宁市五塘食用菌生产有限公司; 锯末 (杉木锯末), 购买自南宁市五塘木材加工有限公司; 商品基质 (泥炭: 蛭石: 珍珠岩=3:1:1) 购买自长春益农赛世泥炭开发有限公司。

试剂盒: DNA 抽提试剂盒 E.Z.N.A.[®] Soil DNA Kit 购买自美国 Omega Bio-Tek 公司, 建库试剂盒 NEXTFLEX[®] Rapid DNA-Seq Kit 购买自美国 Bioo Scientific 公司, 测序试剂盒 MiSeq Reagent Kit v3 购买自美国 Illumina 公司。

1.2 方法

1.2.1 黄瓜种植与产量测定 试验于 2021 年 7 月至 2022 年 2 月在实验室和蔬菜基地进行。采用底袋直径和袋高均为 40 cm 的无纺布袋进行基质袋装栽培。试验基质均用 50% 的多菌灵 1000 倍液喷施消毒, 然后覆盖塑料薄膜, 在阳光下暴晒 7 d。试验采用单因素随机区组试验设计, 共设 4 种不同的栽培模式, 每种栽培模式为一个试验处理, 共 4 个处理, 每个处理设 3 个重复, 共 12 个试验小区。各处理分别为: (1) CK 处理, 商品基质对照; (2) T_1 处理, 复配基质 (菇渣: 锯末=1:3); (3) T_2 处理, 复配基质 (菇渣: 锯末=1:1); (4)

T₃ 处理，复配基质（菇渣：锯末=3：1）。上述除栽培基质配比不同外，其他田间管理均相同。每个处理栽植黄瓜 30 株，株距 60 cm，行距 80 cm。于 9 月下旬进行穴盘育苗播种，10 月中旬定植，其他管理同日常，整个栽植过程中黄瓜植株未出现病虫害，12 月下旬在黄瓜进入收获期，按照小区对各处理的黄瓜依次分批采收，用常规称重法对黄瓜进行称重测产并记录。

1.2.2 样品采集 在黄瓜进入盛果期，每个处理选择 10 株生长势一致的植株，采用“斗根法”^[22] 采集样品。取样时，先用 75%酒精对手套和铁铲消毒，然后挖取植株根部，抖落根系外部基质，收集附着在植株根部的基质，装入无菌袋封装，放入冰盒，带回实验室。

1.2.3 样品总 DNA 提取、PCR 扩增及高通量测序 使用 E.Z.N.A.[®] Soil DNA Kit 试剂盒提取总 DNA，使用 NanoDrop 2000 超微量分光光度计（thermo fisher scientific, 美国）测定 DNA 浓度和纯度，使用 1%琼脂糖凝胶电泳检测总 DNA 提取质量。PCR 扩增引物为 799F（5'-AACMGGATT AGATAC CCKG-3'）和 1193R（5'-ACGTCATCCC CACCTTCC-3'），对样本细菌扩增 V5-V7 可变区域进行 PCR 扩增，其扩增参数为：95 ℃预变性 3 min；95 ℃变性 30 s，55 ℃退火 30 s，72 ℃延伸 30 s，循环 27 次；72 ℃延伸 10 min，10 ℃保存直至反应结束。PCR 扩增体系为：0.4 μL TaKaRa Taq（5 U/μL），4.0 μL 5×FastPfu Buffer，2.0 μL dNTPs（各 2.5 mmol/L），0.8 μL（5 μmol/L）引物，0.2 μL 的 BSA，1 μL DNA 模板（10 ng/μL），加入 ddH₂O 补足 20 μL。对 PCR 产物进行鉴定：即每个样本 3 个 PCR 重复，将 3 个重复的 PCR 产物混合；使用 2%琼脂糖凝胶电泳检测产物条带大小。Illumina Miseq 测序：使用 2%琼脂糖凝胶回收 PCR 产物，依次对回收产物进行纯化，再用 2%琼脂糖凝胶进行电泳检测，并使用 Quantus[™] Fluorometer（Promega, USA）对回收产物进行检测定量。使用 NEXTFLEX[®] Rapid DNA-Seq Kit 进行建库，使用 MiSeq PE300 平台进行测序。

1.3 数据处理

试验数据采用 Excel 2019 和 SPSS 25.0 软件进行分析和处理，用邓肯法进行显著性检验（*P*<0.05），平均数据以“平均数±标准差（SD）”表示。利用上海美吉生物医药科技有限公司 I-Sanger 云数据分析平台对测序数据进行在线处

理，获得样本稀释曲线图、OUT 聚类分析表格、Alpha 数据表格、细菌群落占比图、Venn 图及 PICRUSt 功能预测数据等。

2 结果与分析

2.1 不同基质比对黄瓜产量的影响

由表 1 可知，菇渣、锯末按不同比例复配组成的复配基质（T₁、T₂、T₃ 处理）栽培黄瓜产量均显著高于商品基质（CK）栽培，其中 T₂ 处理黄瓜产量最高，达 48 572.40 kg/hm²；CK 处理产量最低，为 39 762.70 kg/hm²。产量表现为 T₂>T₃>T₁>CK 处理，说明较 CK 处理栽培相比，通过菇渣、锯末复配组成的基质栽培黄瓜可显著提高黄瓜产量，其中 T₂ 处理产量最高。

表 1 不同基质配比栽培条件下黄瓜产量
Tab. 1 Cucumber yield under different substrate ratio cultivation conditions

处理 Treatment	产量 Yield/(kg·hm ⁻²)
CK	39 762.70±619.06 ^d
T ₁	42 381.80±285.72 ^c
T ₂	48 572.40±261.91 ^a
T ₃	45 477.10±309.53 ^b

注：同列数据后不同小写字母表示处理间差异显著（*P*<0.05）。
Note: Different lowercase letters after the same column of data indicate significant difference (*P*<0.05).

2.2 不同基质配比下黄瓜植株根际细菌 OUT 聚类分析

由图 1 可知，稀释曲线随着样本测序数量的增大，逐渐变得平缓，当样本测序数量达到 20000 时，曲线不再增长，表明测序结果可以真实反映黄瓜根际细菌群落结构。

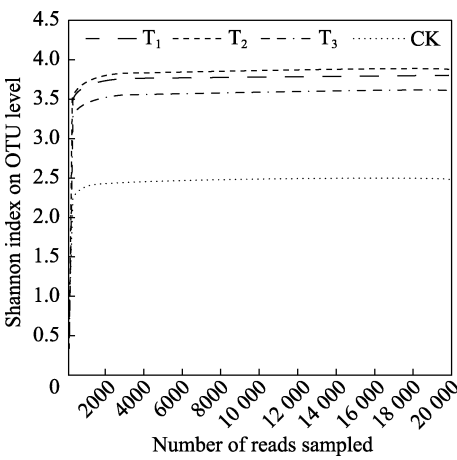


图 1 样本稀释曲线（OTU 水平 Shannon 指数）
Fig. 1 Sample dilution curve (Shannon index of OTU level)

由表 2 可知,不同栽培基质条件下黄瓜根际细菌菌落的组成存在较大差异,与 CK 相比,T₁、T₂ 和 T₃ 处理均不同程度地提高了黄瓜根际细菌种群的多样性。

2.3 不同基质配比下黄瓜植株根际细菌 Alpha 多样性分析

在生物信息云平台进一步分析不同基质配比下黄瓜根际细菌的多样性指数和丰富度。由表 3

可知,各样本分析测序覆盖率均在 99%以上,表明结果可以代表根际微生物种群的真实情况。T₁、T₂ 和 T₃ 处理的根际细菌 Shannon 指数、ACE 指数和 Chao 指数均显著高于 CK 处理,说明 T₁、T₂ 和 T₃ 处理栽培条件下,黄瓜植株根际微生物多样性和丰富度高于 CK,且 Simpson 指数均显著低于 CK,表明商品基质栽培条件下黄瓜植株根际生物多样性较低。

表 2 不同基质配比栽培条件下黄瓜植株根际细菌不同分类水平数量
Tab. 2 Number of rhizosphere bacteria in cucumber plants under different substrate ratio cultivation conditions

处理 Treatment	不同分类阶元归类数量 Number of different taxonomic categories						分类操作单元数量 Number of operational taxonomic units (OTU)
	门 Phylum	纲 Class	目 Order	科 Family	属 Genus	种 Species	
CK	16	28	69	106	186	261	342
T ₁	18	33	77	120	198	290	421
T ₂	18	32	84	133	215	315	471
T ₃	21	35	86	131	216	312	456
总计	24	46	115	182	299	448	696

表 3 不同基质配比栽培条件下黄瓜植株根际细菌 Alpha 多样性
Tab. 3 Alpha diversity of rhizosphere bacteria in cucumber plants under different substrate ratio cultivation conditions

处理 Treatment	香农指数 Shannon index	辛普森指数 Simpson index	ACE 指数 ACE index	Chao 指数 Chao index	覆盖率 Coverage rate/%
CK	2.55±0.53 ^c	0.227±0.005 ^a	429.80±8.14 ^c	400.49±13.28 ^c	99.0
T ₁	3.82±0.50 ^a	0.046±0.002 ^c	541.92±19.52 ^b	525.03±13.64 ^b	99.0
T ₂	3.90±0.02 ^a	0.043±0.002 ^c	580.50±12.75 ^a	572.47±12.14 ^a	99.0
T ₃	3.62±0.04 ^b	0.069±0.003 ^b	573.46±22.35 ^a	547.30±17.49 ^{ab}	99.0

注:同列数据后不同小写字母表示处理间差异显著(P<0.05)。
Note: Different lowercase letters after the same column of data indicate significant difference (P<0.05).

香农指数 Shannon 和辛普森指数 Simpson 是微生物多样性指标。香农指数其值越大,物种多样性越大,辛普森指数其值越大,物种越集中,多样性越低;Chao^[23]指数和 ACE^[24]指数是微生物物种丰富度指标,其值越大,物种越丰富^[25]。

2.4 群落组成分析

2.4.1 不同处理黄瓜植株根际细菌优势群落门分类水平 由图 2 可知,门分类水平,不同基质配比下黄瓜植株根际细菌中,相对丰度占比大于 1% 的为优势细菌门,变形菌门(Proteobacteria)是 4 种栽培模式下共有的优势细菌门类,其相对丰度在各处理中占比介于 72.45%~96.35%之间。

在 CK 处理中,黄瓜植株根系优势细菌门的相对丰度占比大小依次为变形菌门(Proteobacteria, 96.35%)、放线菌门(Actinobacteriota, 1.43%),其他门类相对丰度总占比为 1.49%。

在 T₁ 处理中,黄瓜植株根系优势细菌门的相对丰度占比大小依次为变形菌门(Proteobacteria, 72.45%)、拟杆菌门(Bacteroidota, 25.14%),其他门类相对丰度总占比为 1.48%。

在 T₂ 处理中,黄瓜植株根系优势细菌门的相对丰度占比大小依次为变形菌门(Proteobacteria, 80.78%)、拟杆菌门(Bacteroidota, 16.51%),其他门类相对丰度总占比为 1.73%。

在 T₃ 处理中,黄瓜植株根系优势细菌门的相对丰度占比大小依次为变形菌门(Proteobacteria, 84.04%)、拟杆菌门(Bacteroidota, 12.49%)、放线菌门(Actinobacteriota, 1.25%),其他门类相对丰度总占比为 2.22%。

与 CK 相比,虽然不同的基质配比栽培条件下均不同程度地降低了变形菌门(Proteobacteria)细菌丰度占比,但亦不同程度地增加了拟杆菌门

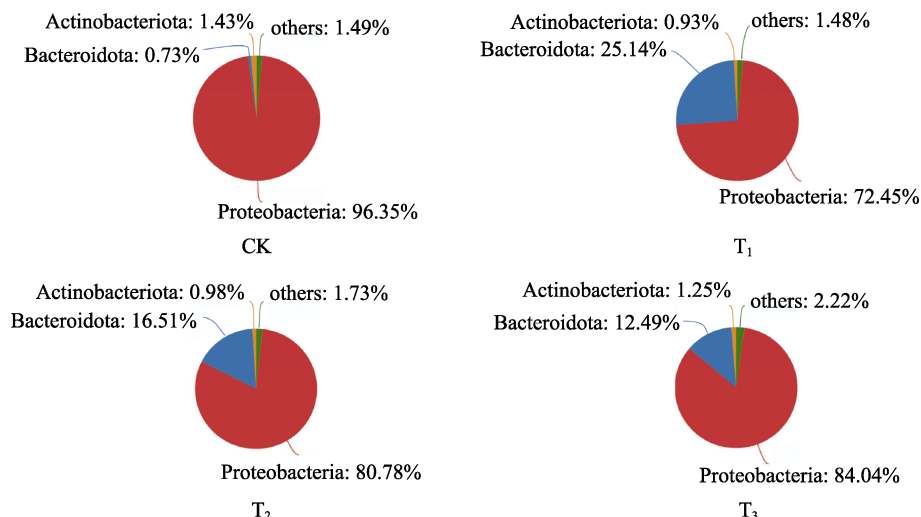


图 2 不同基质配比栽培条件下黄瓜植株根际细菌门分类水平细菌组成

Fig. 2 Bacterial composition of cucumber plants under different substrate ratio cultivation conditions

(Bacteroidota) 细菌丰度占比，且拟杆菌门 (Bacteroidota) 是有机基质栽培特有的优势细菌门类。

2.4.2 不同处理黄瓜株根际细菌优势菌落属分类水平 如图 3 所示，属分类水平，不同基质配比下黄瓜植株根际细菌中，相对丰度占比大于 1% 的为优势细菌属。其中在 CK、T₁、T₂、T₃ 处理中，优势细菌属分类水平数量分别为 12、15、15 和 14 个。

在 CK 处理中，黄瓜植株根系优势细菌属的相对丰度占比大小顺序依次为罗丹诺杆菌属 (*Rhodanobacter*, 46.40%)、不粘柄菌属 (*Asticcacaulis*, 14.77%)、包特菌属 (*Bordetella*, 12.02%)、伯克霍尔德氏菌属 (*Burkholderia-Caballeronia-Paraburkholderia*, 2.60%)、卡斯特兰尼氏菌属 (*Castellaniella*, 2.17%)、利姆诺杆菌属 (*Limnobacter*, 1.87%)、(*unclassified_c_Gammaproteobacteria*, 1.78%)、*Noviherbaspirillum* (1.63%)、申氏杆菌属 (*Shinella*, 1.62%)、德沃斯氏菌属 (*Devosia*, 1.27%)、朱氏杆菌属 (*Chujaibacter*, 1.16%)、(*unclassified_f_Comamonadaceae*, 1.05%)，其他相对丰度总占比为 8.47%。

在 T₁ 处理中，黄瓜植株根系优势细菌属的相对丰度占比大小顺序依次为黄杆菌属 (*Flavobacterium*, 24.90%)、不粘柄菌属 (*Asticcacaulis*, 9.69%)、噬酸菌属 (*Acidovorax*, 8.74%)、(*unclassified_f_Comamonadaceae*, 6.68%)、伯克霍尔德氏菌属 (*Burkholderia-Caballeronia-Paraburkholderia*, 4.63%)、罗丹诺杆菌属

(*Rhodanobacter*, 4.54%)、包特菌属 (*Bordetella*, 4.22%)、新鞘氨醇杆菌属 (*Novosphingobium*, 4.17%)、异样根瘤菌属 (*Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium*, 3.95%)、申氏杆菌属 (*Shinella*, 3.67%)、慢生根瘤菌属 (*Bradyrhizobium*, 2.52%)、草螺菌属 (*Herbaspirillum*, 2.23%)、德沃斯氏菌属 (*Devosia*, 2.05%)、(*Dokdonella*, 1.47%)、短波单胞菌 (*Brevundimonas*, 1.07%)，其他相对丰度总占比为 12.89%。

在 T₂ 处理中，黄瓜植株根系优势细菌属的丰度占比大小顺序依次为黄杆菌属 (*Flavobacterium*, 15.89%)、不粘柄菌属 (*Asticcacaulis*, 14.74%)、伯克霍尔德氏菌属 (*Burkholderia-Caballeronia-Paraburkholderia*, 8.56%)、申氏杆菌属 (*Shinella*, 8.15%)、新鞘氨醇杆菌属 (*Novosphingobium*, 7.24%)、罗丹诺杆菌属 (*Rhodanobacter*, 6.5%)、噬酸菌属 (*Acidovorax*, 4.54%)、异样根瘤菌属 (*Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium*, 3.65%)、(*unclassified_f_Comamonadaceae*, 3.20%)、包特菌属 (*Bordetella*, 2.65%)、热单胞菌属 (*Thermomonas*, 2.48%)、鞘氨醇盒菌属 (*Sphingopyxis*, 2.34%)、草螺菌属 (*Herbaspirillum*, 1.73%)、德沃斯氏菌属 (*Devosia*, 1.71%)、卡斯特兰尼氏菌属 (*Castellaniella*, 1.02%)，其他相对丰度总占比为 13.24%。

在 T₃ 处理中，黄瓜植株根系优势细菌属的丰度占比大小顺序依次为罗丹诺杆菌属 (*Rhodanobacter*, 16.49%)、不粘柄菌属 (*Asticcacaulis*,

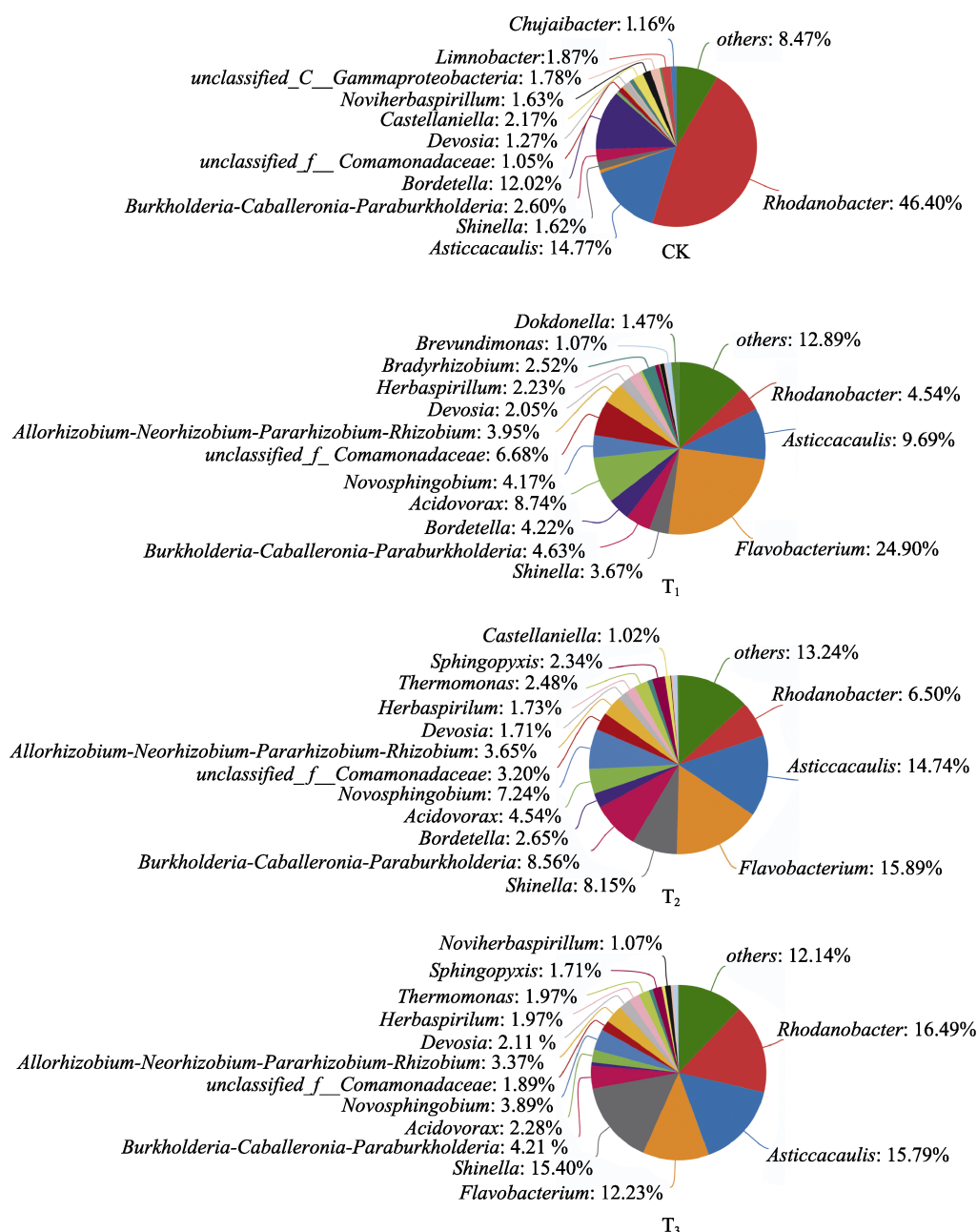


图 3 不同基质配比栽培条件下黄瓜植株根际细菌属分类水平细菌组成

Fig. 3 Under different substrate ratio cultivation conditions, the rhizosphere bacteria of cucumber plants were composed of taxonomic bacteria

15.79%)、申氏杆菌属 (*Shinella*, 15.40%)、黄杆菌属 (*Flavobacterium*, 12.23%)、伯克霍尔德氏菌属 (*Burkholderia-Caballeronia-Paraburkholderia*, 4.21%)、新鞘氨醇杆菌属 (*Novosphingobium*, 3.89%)、异样根瘤菌属 (*Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium*, 3.37%)、噬酸菌属 (*Acidovorax*, 2.28%)、德沃斯氏菌属 (*Devosia*, 2.11%)、草螺菌属 (*Herbaspirillum*, 1.97%)、热单胞菌属 (*Thermomonas*, 1.97%)、(*unclassified_f_Comamonadaceae*, 1.89%)、鞘

氨醇盒菌属 (*Sphingopyxis*, 1.71%)、(*Noviherbaspirillum*, 1.07%)，其他相对丰度总占比为 12.14%。

其中，*unclassified_c_Gammaproteobacteria*、利姆诺杆菌属 (*Limnobacter*) 和朱氏杆菌属 (*Chujaibacter*) 是 CK 处理条件下，黄瓜植株根系特有的优势细菌属；与 CK 处理相比，黄杆菌属 (*Flavobacterium*)、新鞘氨醇杆菌属 (*Novosphingobium*)、异样根瘤菌属 (*Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium*)、噬酸菌

属 *Acidovorax* 和草螺菌属 (*Herbaspirillum*) 是复配基质栽培 (T₁、T₂、T₃ 处理) 条件下, 黄瓜植株根际特有的优势细菌属; 伯克霍尔德氏菌属 (*Burkholderia-Caballeronia-Paraburkholderia*)、罗丹诺杆菌属 (*Rhodanobacter*)、不粘柄菌属 (*Asticcacaulis*)、申氏杆菌属 (*Shinella*) 和 *unclassified_f__Comamonadaceae*、德沃斯氏菌属 (*Devosia*) 是商品基质栽培和菇渣、锯末复配基质栽培条件下, 黄瓜植株根际共有的优势细菌属。

综上所述, 不同的基质配比栽培黄瓜, 在不同程度上改变黄瓜植株根际细菌属分类水平的群落组成, 同时也改变了优势细菌菌落组成的丰度占比。与 CK 相比, 菇渣、锯末复配基质栽培有利于黄瓜根际形成更为多样与均衡的细菌群落结构。

2.5 物种 Venn 分析

由图 4 分析结果可知, 在属分类水平, CK、T₁、T₂、T₃ 处理中, 黄瓜植株根际细菌属分类水平数量分别为 165、192、198 和 200 个; 4 种栽培模式中, 黄瓜植株根际细菌共有的菌属为 102 个; T₁、T₂、T₃ 与 CK 处理共有的优势根际细菌属数量分别为 14、6 和 7 个。而 T₁、T₂、T₃ 和 CK 处理黄瓜植株根际中, 特有的根际细菌属的数量分别为 18、14、23 和 14 个。

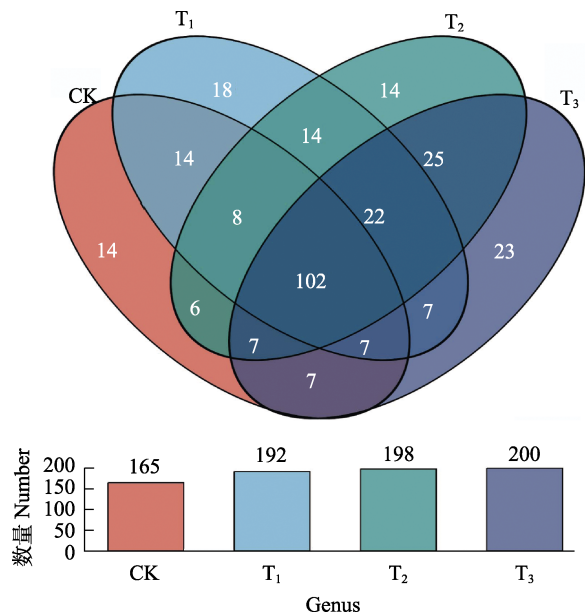


图 4 不同基质配比栽培条件下黄瓜植株根际细菌属分类水平 Venn 图

Fig. 4 Venn diagram of the genus classification level of rhizosphere bacteria in cucumber plants under different substrate ratio cultivation conditions

由图 5 分析结果可知, 在种分类水平, CK、T₁、T₂、T₃ 处理中, 黄瓜植株根际细菌种分类水平数量分别为 226、279、294 和 286 个; 4 种栽培模式中, 黄瓜植株根际细菌共有的菌种为 130 个; T₁、T₂、T₃、CK 处理共有的优势根际细菌种数量分别为 14、10、7 个。而 T₁、T₂、T₃、CK 处理黄瓜植株根际中, 特有的根际细菌种的数量分别为 35、27、34、28 个。

表明无论是属或种分类水平, 与 CK 相比, 通过菇渣、锯末复配基质栽培均可以提高黄瓜根际细菌的数量水平, 同时也有利于提升黄瓜植株根际特有的优势细菌数量。

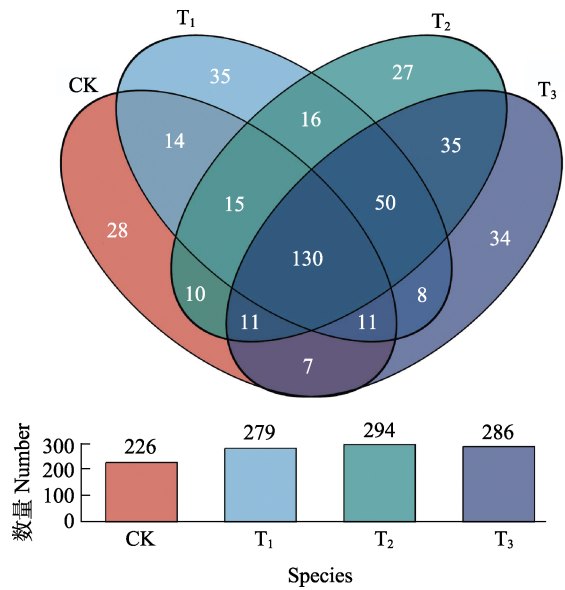


图 5 不同基质配比栽培条件下黄瓜植株根际细菌种分类水平 Venn 图

Fig. 5 Venn diagram of the classification level of rhizosphere bacterial species of cucumber plants under cultivation conditions with different substrate ratios

2.6 PICRUST 功能预测

为了进一步研究不同基质配比栽培条件下黄瓜植株根际细菌的功能, 本研究利用高通量测序技术和 KEGG (kyoto encyclopedia of genes and genomes) 数据库进行比对发现, 黄瓜植株根际细菌在一级功能层共有 6 类生物代谢通路 (表 4), 分别为: 代谢 (metabolism)、环境信息处理 (environmental information processing)、遗传信息处理 (genetic information processing)、细胞过程 (cellular processes)、人类疾病 (human diseases) 和有机系统 (organismal systems)。其中, 代谢、环境信息处理和遗传信息处理为主要一级功能,

表 4 预测功能基因在不同处理间的占比(一级功能层)
Tab. 4 Predictive proportion of functional genes between treatments (Pathway level 1) %

Pathway level 1	代谢 Metabolism	环境信息处理 Environmental information processing	遗传信息处理 Genetic information processing	细胞过程 Cellular processes	人类疾病 Human diseases	有机系统 Organismal systems
CK	64.24	15.64	10.57	6.11	2.02	1.17
T ₁	63.26	16.81	10.88	5.72	2.08	1.05
T ₂	62.78	17.16	11.07	5.60	2.17	1.04
T ₃	62.74	17.43	10.90	5.60	2.12	1.03

占比分别为 62.74%~64.24%、15.64%~17.43%和 10.57%~11.07%。不同基质配比栽培条件下黄瓜植株根际细菌基因一级功能层预测基因种类无显著差异,但基因拷贝数占比存在差异。

COG (clusters of orthologous groups) 功能分类如图 6 所示,黄瓜植株根际细菌群落功能组成相对丰度占比前 10 类别分别为:未知功能 (S, 11.06%~11.64%)、氨基酸转运与代谢 (E, 7.99%~8.19%)、一般功能预测 (R, 7.92%~8.17%)、细胞壁/膜/包膜生物发生 (M, 6.80%~7.09%)、转录 (K, 6.61%~6.81%)、无机离子运输与代谢 (P, 6.11%~6.61%)、能量生产和转换 (C, 6.32%~6.60%)、信号转导机制 (T, 5.60%~6.45%)、碳

水化合物运输和代谢 (G, 5.24%~6.06%) 以及翻译、核糖体结构和生物发生 (J, 5.15%~5.43%)。各处理中,黄瓜植株根际细菌群落功能组成相似。与 CK 相比,菇渣、锯末复配基质栽培提高了一般功能预测、氨基酸转运与代谢、转录、无机离子运输与代谢、信号转导机制、碳水化合物运输和代谢功能丰度,降低了能量生产和转换、细胞壁/膜/包膜生物发生、翻译、核糖体结构和生物发生等功能丰度,但不同基质配比栽培条件下各处理间差异不显著。表明不同基质比对黄瓜植株根际细菌功能丰度占比影响较小。通过对 KEGG 数据库和 COG 数据库检测到大多数根际细菌显示出有益的功能。

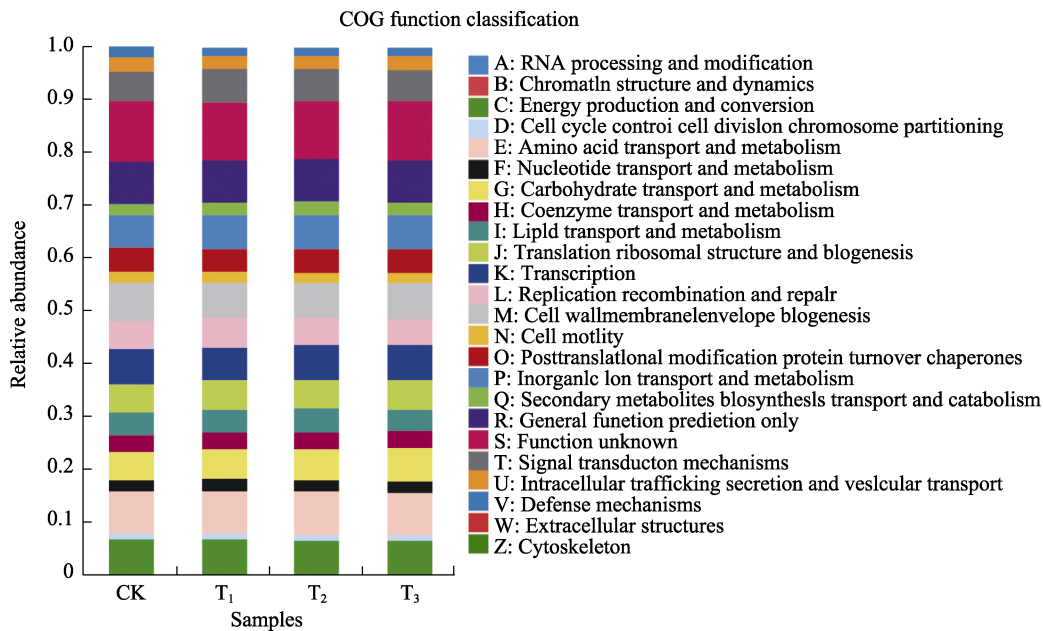


图 6 OTU 水平不同基质配比栽培条件下黄瓜植株根际细菌 COG 功能分类
Fig. 6 Classification of COG function of cucumber plant rhizosphere bacteria under different substrate ratio cultivation conditions at OTU level

3 讨论

本研究中,基于黄瓜植株根际细菌群落结构组成和产量而言,菇渣和锯末复配基质可替代常

规商品基质栽培黄瓜,T₂处理(菇渣:锯末=1:1)表现最佳,为新型基质栽培模式的应用提供理论参考依据。

基质栽培相较于传统的土壤栽培具有节水、保墒、增产及减轻环境污染,降低生产成本的作用,能够有效改善作物生长的根际环境,提高作物的产量和品质。根际微生物群落的形成与作物、土壤有着密切的关系,而根际微生物在作物对养分的吸收、病原物的防卫,抗逆性等方面发挥着至关重要的作用^[26]。生产上通过间作制度、生物化肥、基质栽培等方式改善作物根际微生物群落组成和功能,并通过对根际微生物群落的调控来增加农作物的产量。已有研究表明,作物根际微生物或内生微生物群落结构和多样性越丰富时,植株对抗病原菌的综合能力就越强^[27-28]。本研究发现,菇渣、锯末复配组成的基质栽培条件下 Chao 指数和 Shannon 指数均显著高于商品基质栽培,在菇渣、锯末复配基质栽培条件下,检测到黄瓜植株根际富集一些有益功能菌属如:黄杆菌属 (*Flavobacterium*)、新鞘氨醇杆菌属 (*Novosphingobium*) 和草螺菌属 (*Herbaspirillum*) 等共有优势功能菌属。有研究发现,黄杆菌属 (*Flavobacterium*) 细菌具有脱氮除磷功能的好氧反硝化微生物^[29],新鞘氨醇杆菌属 (*Novosphingobium*) 是一种与碳循环相关的具有降解木质素功能的微生物^[30-31],草螺菌属 (*Herbaspirillum*) 是一种与根系相关的固氮细菌,可利用根系分泌物互利共生,其主要通过固氮、溶磷和分泌铁载体等方式促进植物生长^[32]。可见,这些特有优势功能菌属的富集改善了黄瓜植株根际微生态环境,帮助植株适应养分不足的胁迫环境。

前人研究发现,基质栽培中,不同的基质配比能不同程度地改变沃柑大苗根际细菌的多样性和丰富度^[14]。本研究亦发现,菇渣、锯末不同的基质配比调节了黄瓜植株根际优势细菌不同(门、属)分类水平的组成比例,不同程度地改变了黄瓜植株根际细菌的多样性和丰富度。杨海俊^[33]研究发现,用粗砂、菇渣、锯末等作为复配基质材料,理化特性及变化满足作物生长需求,明显改善作物根区的环境,提高了作物产量和品质,与本研究结果有相似之处,本研究发现,拟杆菌门 (*Bacteroidota*) 是菇渣、锯末复配基质栽培共有的优势细菌门类,能够有效降解有机物质,加快栽培基质中有机物料的分解与吸收,改善了黄瓜植株根区微生态环境,且产量也高于商品基质栽培。良好的栽培基质能为作物的生长提供良好

的根际微生态环境,栽培基质原料与配比的不同不仅会影响基质理化性状,也会影响基质微生物的数量、种类及酶活性,进而影响植物的生长^[34]。因此,研究菇渣、锯末不同的配比下黄瓜根际细菌群落结构的分析,对黄瓜生产及新的栽培模式具有重要意义。

近年来,利用高通量测序技术在细菌多样性及丰富度方面研究较多^[35-38]。对细菌功能研究相对较少,本研究在 Mi Seq 高通量测序结果的基础上,将 KEGG 数据库和 COG 数据库进行比对发现,不同的基质配比栽培黄瓜不仅改变了黄瓜植株根际细菌群落组成,而且影响植株根际细菌的代谢功能,但不同处理之间对黄瓜植株根际细菌群落整体功能影响甚微。今后关于细菌功能的研究及有益功能菌如何对作物的生长产生影响,有待进一步深入探究。

参考文献

- [1] 董邵云,苗晗,薄凯亮,张圣平,顾兴芳. 黄瓜近缘野生资源的研究进展[J]. 植物遗传资源学报, 2020, 21(6): 1446-1460.
DONG S Y, MIAO H, BO K L, ZHANG S P, GU X F. Research progress on wild relatives of cucumber[J]. Journal of Plant Genetic Resources, 2020, 21(6): 1446-1460. (in Chinese)
- [2] LI X G, DING C F, HUA K, ZHANG T L, ZHANG Y N, ZHAO L, LIU J G, WANG X X. Soil sickness of peanuts is attributable to modifications in soil microbes induced by peanut root exudates rather than to direct allelopathy[J]. Soil Biology & Biochemistry, 2014, 78(7): 149-159.
- [3] LI X, JOUSSET A, BOER W D, CARRION V J, KURAMAE E E. Legacy of land use history determines re-programming of plant physiology by soil microbiome[J]. The ISME Journal, 2018, 13(3): 738-751.
- [4] 晏琼, 刘晓宇, 虞昊安, 李翎慈, 刘潇漪, 张育新, 戴昊鸣, 陈斯琳, 成喜雨. 植物无土栽培技术研究进展[J]. 中国农业大学学报, 2022, 27(5): 1-11.
YAN Q, LIU X Y, YU H A, LI L C, LIU X Y, ZHANG Y X, DAI H M, CHEN S L, CHENG X Y. Recent advances in plant soilless cultivation[J]. Journal of China Agricultural University, 2022, 27(5): 1-11. (in Chinese)
- [5] 周方园, 高云霄, 赵晓燕, 张广志, 谢雪迎, 张新建. 基质栽培黄瓜根际细菌多样性及促生细菌的筛选[J]. 山东农业科学, 2022, 54(4): 69-81.
ZHOU F Y, GAO Y X, ZHAO X Y, ZHANG G Z, XIE X Y, ZHANG X J. Rhizosphere bacterial diversity of cucumber

- cultivated in substrate and screening of growth promoting bacteria[J]. Shandong Agricultural Sciences, 2022, 54(4): 69-81. (in Chinese)
- [6] 韦朝海, 肖美兰. 水生生态调控及水污染治理中微生物的应用[J]. 应用基础与工程科学学报, 1999(4): 352-359.
WEI C H, XIAO M L. Aqueous ecological regulation and application of microorganisms in water pollution control[J]. Journal of Applied Basic and Engineering Sciences, 1999(4): 352-359. (in Chinese)
- [7] 乔鹏, 汤利, 郑毅, 李少明. 不同抗性小麦品种与蚕豆间作条件下的养分吸收与白粉病发生特征[J]. 植物营养与肥料学报, 2010, 16(5): 1086-1093.
QIAO P, TANG L, ZHENG Y, LI S M. Characteristics of nutrient uptakes and powdery mildew incidence of different resistant wheat cultivars intercropping with faba bean[J]. Journal of Plant Nutrition and Fertilizer, 2010, 16(5): 1086-1093. (in Chinese)
- [8] 石晶盈, 陈维信, 刘爱媛. 植物内生菌及其防治植物病害的研究进展[J]. 生态学报, 2006(7): 2395-2401.
SHI J Y, CHEN W X, LIU A Y. Advances in the study of endophytes and their effects on control of plant diseases[J]. Acta Ecologica Sinica, 2006(7): 2395-2401. (in Chinese)
- [9] 张志红, 彭桂香, 李华兴, 蔡燕飞, 张新明, 赵兰凤. 生物肥与甲壳素和恶霉灵配施对香蕉枯萎病的防治效果[J]. 生态学报, 2011, 31(4): 1149-1156.
ZHANG Z H, PENG G X, LI H X, CAI Y F, ZHANG X M, ZHAO L F. Effects on controlling banana *Fusarium* wilt by bio-fertilizer, chitosan, hymexazol and their combinations[J]. Acta Ecologica Sinica, 2011, 31(4): 1149-1156. (in Chinese)
- [10] 吕俊, 付春, 肖析蒙, 杨瑶君. 植物根际促生菌对大蒜的促生、抗病作用研究[J]. 中国农学通报, 2020, 36(24): 146-153.
LYU J, FU C, XIAO X M, YANG Y J. Plant Growth promoting rhinoacteria: effect of growth promotion and disease resistance on garlic (*Allium sativum* L.)[J]. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2020, 36(24): 146-153. (in Chinese)
- [11] SESSITSCH S C A C. Plant growth-promoting bacteria in the rhizo- and endosphere of plants: their role, colonization, mechanisms involved and prospects for utilization[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2010, 42(5): 669-678.
- [12] 余朝阁, 吕亭辉, 解智慧, 何瑞法, 姚梦蝶. 人工营养基质对黄瓜连作土壤酸化和酚类物质积累的影响[J]. 河南农业科学, 2020, 49(6): 115-119.
YU C G, LYU T H, XIE Z H, HE R F, YAO M D. Effects of artificial nutrient substrate on acidification and accumulation of phenols in continuous cropping cucumber soil[J]. Henan Agricultural Sciences, 2020, 49(6): 115-119. (in Chinese)
- [13] 张钰, 孙锦, 郭世荣. 基质中添加微生物制剂对黄瓜幼苗生长和枯萎病抗性的影响[J]. 西北植物学报, 2013, 33(4): 780-786.
ZHANG Y, SUN J, GUO S R. Effects of different microbial agents on growth and wilt disease resistance of cucumber seedlings in substrates[J]. Northwest Journal of Botany, 2013, 33(4): 780-786. (in Chinese)
- [14] 卢万义. 不同基质配比对沃柑大苗生长生理及根际微生物的影响[D]. 南宁: 广西大学, 2022.
LU W Y. Effects of different substrate ratio on growth physiology and rhizosphere microorganism of orah seedlings[D]. Nanning: Guangxi University, 2022. (in Chinese)
- [15] 汤圆强. 无土栽培模式下施用有机物质对番茄生长、果实品质和根际微生物环境的影响[D]. 烟台: 烟台大学, 2021.
TANG Y Q. Effects of organic substances on tomato growth, fruit quality and rhizosphere environment under soilless[D]. Yantai: Yantai University, 2021. (in Chinese)
- [16] 黄建生. 适于椰糠基质栽培的辣椒品种的筛选[D]. 福州: 福建农林大学, 2016.
HUANG J S. Screening of pepper varieties suitable for the mixed matrix with coconut coir[D]. Fuzhou: Fujian Agriculture and Forestry University, 2016. (in Chinese)
- [17] 佟小刚. 不同基质和施肥类型对无土栽培莴苣生长及基质中微生物和酶的影响[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2005.
TONG X G. The effects of different substrates and fertilizer on the growth of lettuce and the microorganism and enzymem in soilless culture[D]. Yangling: Northwest A & F University, 2005. (in Chinese)
- [18] 康胜乐. 蔬菜无土栽培中基质的筛选及效应[D]. 保定: 河北农业大学, 2010.
KANG S L. Screening and effect of different substrate on vegetable soilless culture[D]. Baoding: Agricultural University of Hebei, 2010. (in Chinese)
- [19] 叶露莹, 刘燕. 芍药栽培基质草炭减量及替代物研究[J]. 江西农业大学学报, 2012, 34(6): 1136-1141.
YE L Y, LIU Y. A study on reduction of turf from the growing substratum for paeonia lactiflora and its substitute[J]. Journal of Jiangxi Agricultural University, 2012, 34(6): 1136-1141. (in Chinese)
- [20] 张宇. 利用紫色泥岩替代漂浮育苗商品基质的研究应用[D]. 长沙: 湖南农业大学, 2014.
ZHANG Y. Studies on the purple mudstoneof tobacco seedling substrate[D]. Changsha: Hunan Agricultural University, 2014. (in Chinese)
- [21] 胡云, 马建华, 李明, 赵淑文, 刘利平, 刘宏武. 生物炭对基质栽培黄瓜根际养分与真菌丰度的影响[J]. 分子植物育种, 2022, 20(8): 2773-2780.

- HU Y, MA J H, LI M, ZHAO S W, LIU L P, LIU H W. Effects of biochar on rhizosphere nutrients and fungi abundances of cucumber using soilless substrate culture[J]. Molecular Plant Breeding, 2022, 20(8): 2773-2780. (in Chinese)
- [22] RILEY D, BARBER S A. Salt accumulation at the soybean [*Glycine Max.* (L.) Merr.] root-soil interface[J]. Soil Science Society of America Journal, 1970, 34(1): 154-155.
- [23] CHAO A, HWANG W H, CHEN Y C, KUO C Y. Estimating the number of shared species in two communities[J]. Stata Sinica, 2000, 10(1): 227-246.
- [24] KONG H H, CONLAN S, GRICE E A, DEMING C B, DAVIS J, YOUNG A C, BOUFFARD G G, BLAKESLEY R W, MURRAY P R, GREEN E D. Topographical and temporal diversity of the human skin microbiome[J]. Science, 2009, 324(5931): 1190-1192.
- [25] 罗俊, 林兆里, 李诗燕, 阙友雄, 张才芳, 杨仔奇, 姚坤存, 冯景芳, 陈建峰, 张华. 不同土壤改良措施对机械压实酸化蔗地土壤理化性质及微生物群落结构的影响[J]. 作物学报, 2020, 46(4): 596-613.
- LUO J, LIN Z L, LI S Y, QUE Y X, ZHANG C F, YANG Z Q, YAO K C, FENG J F, CHEN J F, ZHANG H. Effects of different soil improvement measures on soil physicochemical properties and microbial community structures in mechanically compacted acidified sugarcane field[J]. Acta Agronomica Sinica, 2020, 46(4): 596-613. (in Chinese)
- [26] 连文慧, 董雷, 李文均. 土壤环境下的根际微生物和植物相互作用研究进展[J]. 微生物学杂志, 2021, 41(4): 74-83.
- LIAN W H, DONG L, LI W J. Advances in rhizosphere microorganism and plant interaction in soil environment[J]. Journal of Microbiology, 2021, 41(4): 74-83. (in Chinese)
- [27] 杨尚东, 郭霜, 任奎瑜, 庞师禅, 张传进, 王帅帅, 谭宏伟. 甘蔗宿根矮化病感病与非感病株根际土壤生物学性状及细菌群落结构特征[J]. 植物营养与肥料学报, 2019, 25(6): 910-916.
- YANG S D, GUO S, REN K Y, PANG S C, ZHANG C J, WANG S S, TAN H W. Soil biological properties and bacterial community structures in rhizosphere soil of canes infected and non-infected by ratoon stunting disease[J]. Plant Nutrition and Fertilizer Science, 2019, 25(6): 910-916. (in Chinese)
- [28] 杨尚东, 任奎瑜, 谭宏伟. 甘蔗宿根矮化病感病与非感病植株养分含量、根系生长及内生细菌群落的差异[J]. 植物营养与肥料学报, 2020, 26(9): 1591-1599.
- YANG S D, REN K Y, TAN H W. Differences in plant nutrient content, root growth and endophytic bacterial community between infected and non-infected sugarcane by ratoon stunting disease[J]. Plant Nutrition and Fertilizer Science, 2020, 26(9): 1591-1599. (in Chinese)
- [29] 杨浩, 张国珍, 杨晓妮, 武福平, 赵炜, 张洪伟, 张翔. 16S rRNA 高通量测序研究集雨窖水中微生物群落结构及多样性[J]. 环境科学, 2017, 38(4): 1704-1716.
- YANG H, ZHANG G Z, YANG X N, WU F P, ZHAO W, ZHANG H W, ZHANG X. Microbial community structure and diversity in cellar water by 16S rRNA high-throughput sequencing[J]. Environmental Science, 2017, 38(4): 1704-1716. (in Chinese)
- [30] 陈跃辉. 细菌 *Novosphingobium* sp. B-7 和 *Comamonas* sp. B-9 降解木质素及其降解基因研究[D]. 长沙: 中南大学, 2013.
- CHEN Y H. Bacteria *Novosphingobium* sp. B-7 and *Comamonas* sp. B-9 degradation of lignin and its degradation genes[D]. Changsha: Central South University, 2013. (in Chinese)
- [31] 李杨, 王芳, 杨海滢, 潘珉, 杜劲松. 高通量测序研究李氏禾生态浮床净化污水的微生物群落结构变化[J]. 西南农业学报, 2018, 31(9): 1903-1911.
- LI Y, WANG F, YANG H Y, PAN M, DU J S. Study on microbial community composition and variation based on high throughput sequencing under *Leersia hexandra* swartz ecological floating bed[J]. Southwest Journal of Agricultural Sciences, 2018, 31(9): 1903-1911. (in Chinese)
- [32] 黄自华. *Herbaspirillum huttiense* 5-28 对植物的广谱促生效应的机制研究[D]. 西安: 陕西师范大学, 2021.
- HANG Z H. *Herbaspirillum huttiense* 5-28 mechanism study of broad-spectrum productive effects on plants[D]. Xi'an: Shaanxi Normal University, 2021. (in Chinese)
- [33] 杨海俊. 复混基质对南疆日光温室番茄、薄皮甜瓜无土栽培效应的研究[D]. 阿拉尔: 塔里木大学, 2020.
- YANG H J. Study on soilless cultivation of tomato and muskmelon in solar greenhouse of southern xinjiang by mixed matrix abstract[D]. Alaer: Tarim University, 2020. (in Chinese)
- [34] 邹悦, 王晓巍, 颜建明, 王文丽. 不同配比基质对辣椒生长及生理代谢的影响[J]. 甘肃农业大学学报, 2021, 56(2): 98-104.
- ZOU Y, WANG X W, XIE J M, WANG W L. Effects of different substrate formula on growth and physiological metabolism of pepper[J]. Journal of Gansu Agricultural University, 2021, 56(2): 98-104. (in Chinese)
- [35] 陈泽斌, 黄丽, 夏振远, 赵兴能, 徐胜光, 林丽, 任祺, 靳松, 王墨浪. 云南不同地区烟草内生细菌多样性特征[J]. 西南农业学报, 2015, 28(2): 857-861.
- CHEN Z B, HUANG L, XIA Z Y, ZHAO X N, XU S G, LIN L, REN Z, JIN S, WANG M L. Species diversity characteristics of endophytic bacteria in tobacco at different regions of Yunnan province[J]. Southwest China Journal of

- Agricultural Sciences, 2015, 28(2): 857-861. (in Chinese)
- [36] 楚敏, 张丽娟, 刘晓静, 朱静, 王伟, 顾美英, 谢玉清, 张志东. 不同产地及品种大蒜内生菌群落多样性分析及拮抗作用测定[J]. 新疆农业科学, 2017, 54(11): 2067-2074.
CHU M, ZHANG L J, LIU X J, ZHU J, WANG W, GU M Y, XIE Y Q, ZHANG Z D. Diversity of the endophytes and screening of antagonistic microbes in Garlic varieties from different producing areas[J]. Xinjiang Agricultural Sciences, 2017, 54(11): 2067-2074. (in Chinese)
- [37] 苏小惠, 白玉超, 余玮, 杨瑞芳, 崔丹丹, 李林林, 王继龙, 崔国贤. 不同苧麻品种根际微生物多样性群落结构分析[J]. 中国麻业科学, 2019, 41(3): 114-121.
SU X H, BAI Y C, SHE W, YANG R F, CUI D D, LI L L, WANG J L, CUI G X. Microbial community structures and diversities in different rmie vieties rhizosphere soils[J]. Chinese Hemp Industry Science, 2019, 41(3): 114-121. (in Chinese)
- [38] 张芳芳, 宋希强, 朱国鹏. 不同生境下五唇兰根部可培养内生细菌多样性研究[J]. 植物科学学报, 2016, 34(1): 135-142.
ZHANG F F, SONG X Q, ZHU G P. Diversity of clturable endophytic bacteria isolated from the root tissues phalaenopsis pulcherrimain two different habitats[J]. Journal of Plant Science, 2016, 34(1): 135-142. (in Chinese)