



周星海, 魏方俊, 张晋豪, 贺赛雅, 邱玥, 艾瑛, 魏兰芳, 姬广海. 甜玉米轮作配施万寿菊秸秆返田防治白菜根肿病机理初探[J]. 中国农业大学学报, 2024, 29(01): 53-65.

ZHOU Xinghai, WEI Fangjun, ZHANG Jinhao, HE Saiya, QIU Yue, AI Ying, WEI Lanfang, JI Guanghai. Preliminary study on the mechanism of controlling Chinese cabbage clubroot disease by applying marigold straw in sweet corn rotation[J]. *Journal of China Agricultural University*, 2024, 29(01): 53-65.

DOI: 10.11841/j.issn.1007-4333.2024.01.05

甜玉米轮作配施万寿菊秸秆返田防治白菜根肿病机理初探

周星海¹ 魏方俊¹ 张晋豪¹ 贺赛雅¹ 邱玥¹ 艾瑛³ 魏兰芳² 姬广海^{1*}

(1. 云南农业大学 植物保护学院/省部共建云南生物资源保护与利用国家重点实验室, 昆明 650201;

2. 云南农业大学 农科基础实验教学中心, 昆明 650201;

3. 云南省玉溪市通海县植保植检站, 云南 玉溪 652700)

摘 要 为研究甜玉米轮作配施万寿菊秸秆返田模式对白菜根肿病的防治机理, 并为该种植模式提供理论基础和技术支撑, 通过荧光定量PCR技术、非靶标代谢组学技术、高通量测序技术和田间试验验证, 探究了甜玉米轮作配施万寿菊秸秆返田处理(CrMs)对白菜根肿病的田间防效、休眠孢子数量以及白菜根际土中代谢物和微生物种类的影响。结果表明: CrMs处理对白菜根肿病的田间防效为61.11%; 土壤中根肿菌休眠孢子数量由轮作前的 $1 \times 10^{5.92}$ 个/g降到了 $1 \times 10^{3.73}$ 个/g; CrMs处理改变了白菜根际土中的代谢物组分, 提高了脱氧鹅胆酸(Chenodeoxycholic acid)、 α -亚麻酸(Alpha-Linolenic acid)和4-异丙基苯甲酸(4-Isopropylbenzoic acid)等代谢物含量, 降低了油酸酰胺(Oleamide)和蜜二糖(Melibiose)等代谢物含量; 相关性分析表明, α -亚麻酸和脱氧鹅胆酸等与根肿菌属(*Plasmodiophora*)相对丰度负相关, 油酸酰胺等与根肿菌属相对丰度正相关; CrMs处理丰富了白菜根际微生物多样性, 改善了土壤微生物群落组成, 显著提高了芽胞杆菌属(*Bacillus*)、慢生根瘤菌属(*Bradyrhizobium*)、溶杆菌属(*Lysobacter*)和链霉菌属(*Streptomyces*)等的相对丰度, 降低了根肿菌属、镰刀菌属(*Fusarium*)和螺旋线虫属(*Helicotylenchus*)的相对丰度。综上, 甜玉米轮作+万寿菊秸秆返田的新模式是防治白菜根肿病的重要栽培措施, 可为根肿病的绿色防治提供关键的技术参考。

关键词 白菜根肿病; 轮作; 代谢组; 微生物多样性

中图分类号 S436.34

文章编号 1007-4333(2024)01-0053-13

文献标志码 A

Preliminary study on the mechanism of controlling Chinese cabbage clubroot disease by applying marigold straw in sweet corn rotation

ZHOU Xinghai¹, WEI Fangjun¹, ZHANG Jinhao¹, HE Saiya¹, QIU Yue¹,
AI Ying³, WEI Lanfang², JI Guanghai^{1*}

(1. College of Plant Protection/Agricultural Foundation Experiment Teaching Center, Yunnan Agricultural University, Kunming 650201, China;

2. Key Laboratory of Agriculture Biodiversity for Plant Disease Management, the Ministry of Education, Yunnan Agricultural University, Kunming 650201, China;

3. Plant Protection and Quarantine Station of Tonghai County, Yuxi 652700, China)

Abstract The aims of this study were to investigate the control mechanism of sweet corn rotation combined

收稿日期: 2023-04-07

基金项目: 国家自然科学基金项目(32260701); 国家重点研发计划项目(2019YFD1002000)

第一作者: 周星海(ORCID: 0000-0002-4011-3865), 硕士研究生, E-mail: 3157535972@qq.com

通讯作者: 姬广海(ORCID: 0000-0002-7136-7278), 教授, 主要从事植物病害生物防治研究, E-mail: 550356818@qq.com

with marigold straw returning mode on cabbage clubroot disease, and provide theoretical basis and technical support for the planting mode. Fluorescence quantitative PCR technology, non-target metabolomics technology, high-throughput sequencing technology and field test verification were used in this study to explore the field control effect of sweet corn rotation combined with marigold straw returning treatment (CrMs) on Chinese cabbage clubroot, the number of resting spores and the differences in metabolites and microbial species in rhizosphere soil of Chinese cabbage. The results showed that: The field control effect of CrMs treatment on cabbage clubroot was 61.11%. The number of resting spores in the soil decreased from $1 \times 10^{5.92}$ spores per gram to $1 \times 10^{3.73}$ spores per gram. CrMs treatment changed the metabolite components in the rhizosphere soil of Chinese cabbage, increased the contents of metabolites such as chenodeoxycholic acid, alpha-Linolenic acid and 4-Isopropylbenzoic acid, and decreased the contents of metabolites such as oleamide and melibiose. Alpha-Linolenic acid and chenodeoxycholic acid were negatively correlated with the relative abundance of *Plasmodiophora*, and oleamide was positively correlated with the relative abundance of *Plasmodiophora*. In addition, CrMs treatment enriched the rhizosphere microbial diversity of Chinese cabbage, improved the composition of the soil microbial community, significantly increased the relative abundance of *Bacillus*, *Bradyrhizobium*, *Lysobacter* and *Streptomyces*, and decreased the relative abundance of *Plasmodiophora*, *Fusarium*, and *Helicotylenchus*. In summary, the new mode of sweet corn rotation+marigold straw returning to the field is an important cultivation measure to control the Chinese cabbage clubroot, which provides a key technical reference for the green prevention and control of the clubroot.

Keywords Chinese cabbage clubroot; rotation; metabolomics; microbial diversity

根肿病是由芸薹根肿菌 (*Plasmodiophora brassicae* Woronin) 侵染引起的, 严重威胁着白菜、油菜和甘蓝等近百种十字花科蔬菜的生产, 在我国多地和全球近 60 多个国家都有发生^[1-3]。根肿病导致全球十字花科蔬菜产量减产 10%~15%, 在我国更是每年造成近 30% 的产量损失^[4-8]。目前防治十字花科蔬菜根肿病的措施主要有生石灰调理^[9-11]、化学防治^[12-13]、生物防治^[14-17]、抗病品种^[18-19]和轮作措施^[20-24]。由于根肿菌孢子长期寄生于根内, 受到寄主植物的根部保护, 同时根肿菌休眠孢子具有极强的抗逆性, 能通过休眠状态在土壤中长期存活, 使根肿病的防治更加具有挑战性^[25]。长期使用生石灰调理土壤增加了农业生产成本, 导致土壤板结和土壤理化性质破坏。化学防治见效快, 不受季节和地域的限制, 但长期使用化学农药会增强根肿菌的抗药性, 同时长期过量使用化学农药也将危害环境安全和人类健康。生物防治十字花科蔬菜根肿病备受瞩目, 其主要通过微生物活体和代谢物等直接作用根肿病菌或间接诱导寄主抗性和改善土壤微生物群落来防治十字花科蔬菜根肿病^[26-27]。但由于根肿菌为专性寄生菌, 加大了十字花科蔬菜根肿病生防资源的发掘难度, 同时生防菌受环境因素影响大, 在复杂田间环境条件下防效往往不稳定。这

些都是生物防治十字花科蔬菜根肿病亟需解决的问题。利用抗病品种防治十字花科蔬菜根肿病是最直接的方式, 但是由于生产上根肿菌生理小种分布比较复杂且具有异变性, 目前田间根肿菌生理小种的检测鉴定技术还不够完善, 大部分抗病品种不能因地制宜, 难以大面积推广种植; 同时长期种植同一抗病品种容易使根肿菌产生抗性, 导致抗病品种抗性降低或丧失^[28-29]。轮作作为一种可持续的生态栽培模式, 因其操作简单、能显著提高农作物产量和品质、防效良好等优点, 已成为十字花科蔬菜根肿病防治过程中不可或缺的措施。有研究表明, 轮作配施秸秆能提高对根肿病的防治效果^[30], 因此本研究利用甜玉米轮作配合新鲜万寿菊秸秆粉碎后返田处理 (CrMs) 来防治白菜根肿病。通过分析甜玉米轮作配施万寿菊秸秆返田对根肿病菌休眠孢子数量、白菜根际代谢物和微生物多样性的影响, 阐明新的生态调控模式防治十字花科蔬菜根肿病的机理, 旨在为绿色防治十字花科蔬菜根肿病提供借鉴思路。

1 材料与方法

1.1 试验材料

感病白菜品种为‘鲁春白 1 号’ (青岛国际种苗

有限公司),甜玉米品种为‘SBS902’(厦门华泰五谷种苗有限公司),万寿菊品种为‘蒙菊一号’。

1.2 试验地点

云南省昆明市盘龙区松华街道大摆村白菜根肿病重病田(25° N,102° E)。

1.3 试验方法

1.3.1 甜玉米轮作配施万寿菊秸秆返田防治白菜根肿病的田间试验设计

2022 年 4—7 月种植甜玉米,2022 年 7—8 月万寿菊秸秆返田,2022 年 9 月移栽白菜。田间试验分为 2 个处理:在甜玉米收获后的小区上添加粉碎的新鲜万寿菊秸秆(4.2 kg/m²),用旋耕机将秸秆与土壤混匀后 1 个月左右移栽白菜(CrMs 处理);以撂荒处理作为对照(CK),2 个处理同时移栽白菜。每个处理 3 个随机独立重复,每个小区种植 120 棵白菜。

小区墒间距 0.5 m,墒面宽 1.6 m,株距 0.4 m,移栽白菜前用敌草快清除田间杂草。白菜田间生长期除草采用手工清除,施 25 kg/667 m²复合肥作底肥,白菜移栽 30 d 后施 15 kg/667 m²复合肥作追肥。

1.3.2 防效测定

白菜移栽 60 d 后调查根肿病的发病情况,参照表 1 分级标准^[30]结合以下公式计算发病率、病情指数和相对防效。公式如下:

$$\text{发病率} = \frac{\text{发病株数}}{\text{调查株数}} \times 100\%$$
$$\text{病情指数} = \frac{\sum(\text{发病株数} \times \text{对应病情等级})}{\text{总株数} \times \text{最高病情等级}} \times 100$$
$$\text{相对防效} = \frac{\text{对照病情指数} - \text{处理病情指数}}{\text{对照病情指数}} \times 100\%$$

(1)

(2)

(3)

表 1 白菜根肿病病情分级标准
Table 1 Chinese cabbage clubroot disease condition classification standard

发病等级 Disease grade	分级标准 Grading standard
0 级	根部无肿瘤
1 级	侧根有小肿瘤
3 级	主根发病,其直径小于 2 倍茎基部
5 级	主根发病,其直径是茎基部的 2~3 倍
7 级	主根发病,其直径是茎基部的 3~4 倍
9 级	主根发病,其直径是茎基部的 4 倍以上肿大的根部出现变黑

1.3.3 土样采集

采用 5 点取样法采集土样。土样共采集 2 次,第 1 次采集甜玉米种植前试验区病田土样,第 2 次采集白菜移栽 21 d 后的根际土样。根际土样采样方法如下:在每个小区内按“Z”字选取 5 棵白菜,每个处理共计 15 棵白菜,将白菜根轻轻抖动去除部分土壤后,将同一小区内的白菜根切下单独放到自封袋里置于冰盒中;带回实验室后用无菌毛刷刷下根际土壤,对其进行编号。将土样分成 3 份,1 份土样放置于 4 °C 冰箱保存,剩余 2 份置于-80 °C 冰箱保存。

1.3.4 根肿菌休眠孢子荧光定量 PCR 检测

将采集的土样从 4 °C 冰箱中取出,使用土壤 DNA 提取试剂盒 Power Soil DNA Isolation Kit

(MO BIO Laboratories, Inc, USA) 提取土壤 DNA,以 PB05F: 5'-GAACGGGTTTCACAGACTAGAT-3', PB05R: 5'-GCCCACTGTGTTAATGATCC-3' 为扩增引物,参照李森等^[31]方法,对甜玉米种植前、甜玉米轮作配施万寿菊秸秆返田处理后和对照土样中根肿菌休眠孢子的数量进行检测。

1.3.5 液质联用(LC-MS)非靶标代谢组分析土壤的代谢物

称取 100 mg 样品,加入 1 000 μL 提取液(V(甲醇): V(水)=3: 1,含同位素标记内标混合物),35 Hz 研磨处理 4 min,超声 5 min(冰水浴),重复上述处理 3 次;-40 °C 静置 1 h;将样品 4 °C,12 000 r/min 离心 15 min;取上清于进样瓶中上机检测,上机检测方法参考 Alseekh 等^[32]进行。

1.3.6 高通量测序分析土壤微生物多样性

白菜根际土样送至广东美格基因科技有限公司利用 Illumina MiSeq 测序技术进行高通量测序,细菌多样性鉴定区域为 16S rDNA V3~V4 区域,真菌多样性鉴定区域为 ITS 区域。对 PCR 产物进行纯化、定量和均一化处理后形成测序文库,建好的文库先进行文库质检,质检合格的文库用 Illumina MiSeq 测序技术进行高通量测序,数据分析参照 [33~34]。

1.4 数据处理

通过 Microsoft Excel 2016 进行数据统计和作图,在 IBM SPSS Statistics V. 20.0 中用 Duncan 多重比较进行方差分析,数据可视化用 R 语言软件分析。

2 结果与分析

2.1 甜玉米轮作配施万寿菊秸秆返田处理对白菜根肿病的防治效果

在田间试验中,甜玉米轮作配施万寿菊秸秆返田处理能显著降低白菜根肿病的发病率和病情指数,提高白菜的平均产量。对照处理白菜根肿病发病率为 100.00%,病情指数为 88.89;甜玉米轮作配施万寿菊秸秆返田处理的白菜根肿病发病率为 77.78%,病情指数为 34.57,相对防效为 61.11%。CrMs 处理能有效防治白菜根肿病,同时白菜可增收 1 880.43 kg/667 m²(表 2)。

表 2 甜玉米轮作配施万寿菊秸秆返田处理对白菜根肿病的田间防治效果

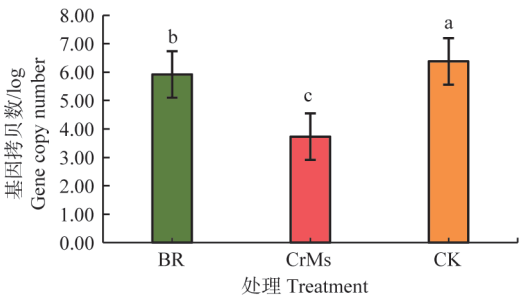
Table 2 Field control effect of sweet corn rotation combined with marigold straw treatment on Chinese cabbage clubroot

处理 Treatment	发病率/% Disease incidence	病情指数 Disease index	相对防效/% Control effect	平均产量/(kg/667 m ²) Average production
CrMs	77.78	34.57	61.11	3 532.57
CK	100.00	88.89		1 652.14

注:CrMs 和 CK 分别表示甜玉米轮作配施万寿菊秸秆返田处理和对照处理。
Note: CrMs and CK respectively represent sweet corn rotation combined with marigold straw returning to field treatment and control.

2.2 实时荧光定量检测根肿病菌休眠孢子数量

利用荧光定量 PCR 技术检测土样中根肿病菌休眠孢子数量发现(图 1),甜玉米轮作配施万寿菊



BR、CrMs 和 CK 分别表示轮作前、甜玉米轮作配施万寿菊秸秆返田处理和对照。误差线上不同的小写字母代表差异显著($P<0.05$)。图 3 同。

BR, CrMs and CK respectively represent before rotation, sweet corn rotation with marigold straw returning to the field treatment, and control. Different lowercase letters on the error line represent significant differences($P<0.05$). The same as Figure 3.

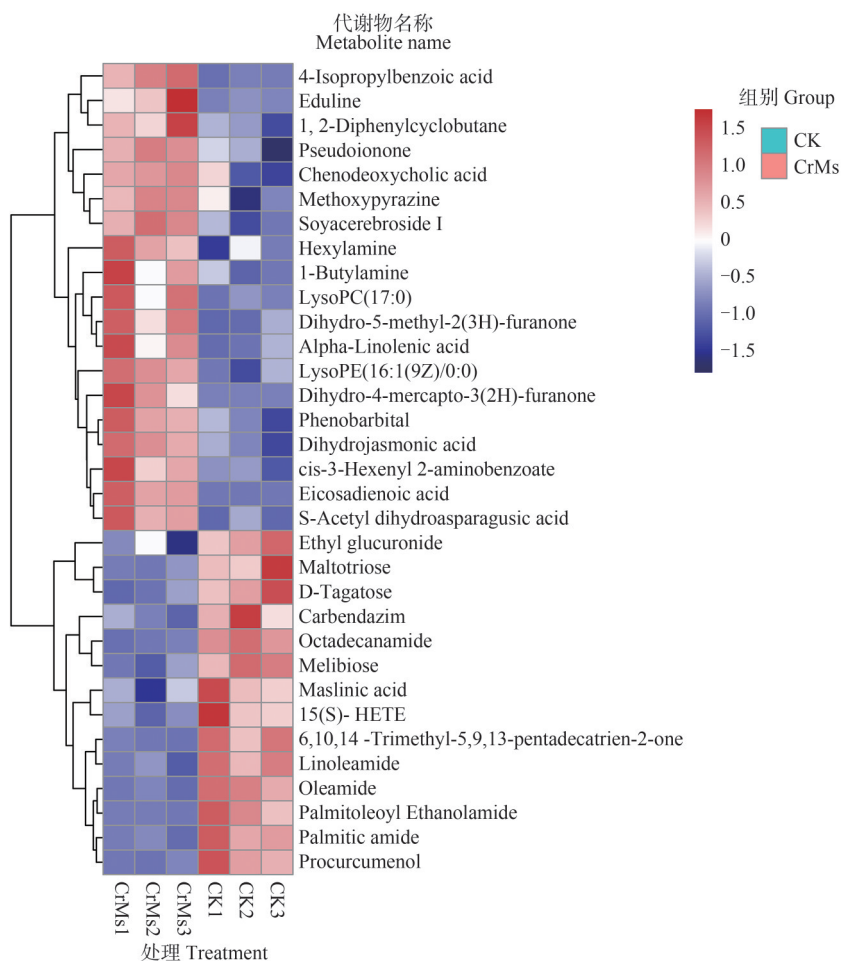
图 1 根肿菌休眠孢子数量检测

Fig. 1 Detection of the number of resting spores of *Plasmodiophora brassicae*

秸秆处理显著降低了根肿病菌休眠孢子数量,对照与轮作前相比根肿病菌休眠孢子数量增多。轮作前试验区每 g 土壤中根肿病菌休眠孢子数量为 $1\times 10^{5.92}$ 个,甜玉米轮作配施万寿菊秸秆处理后每 g 白菜根际土壤中根肿病菌休眠孢子数量为 $1\times 10^{3.73}$ 个,对照处理每 g 白菜根际土壤中根肿病菌休眠孢子数量为 $1\times 10^{6.38}$ 个。

2.3 差异代谢物分析

通过层次聚类热图分析发现(图 2),甜玉米轮作配施万寿菊秸秆处理和对照的白菜根际代谢物存在显著差异,其中 CrMs 处理鹅去氧胆酸(Chenodeoxycholic acid)、甘油磷脂类(LysoPC)、二十碳五烯酸(Eicosadienoic acid)、S-Acetyl dihydroasparagusic acid、 α -亚麻酸(Alpha-Linolenic acid)和鞘磷脂(Soyacerebroside I)的含量显著高于 CK,CK 处理的棕榈酸酰胺(Palmitic amide)、硬脂酰胺(Octadecanamide)、蜜二糖(Melibiose)、麦芽三糖(Maltotriose)、油酸酰胺(Oleamide)、棕榈酰乙醇酰胺(Palmitoleoyl Ethanolamide)和原菰述烯醇(Procurcumenol)的含量显著高于 CrMs。



不同位置的色块代表对应位置代谢物的相对表达量。红色表示该物质含量高表达,蓝色表示该物质含量低表达。

The color blocks at different positions represent the relative expression levels of corresponding metabolites. Red indicating high expression of the substance and blue indicating low expression of the substance.

图 2 CrMs 处理对 CK 处理的层次聚类分析

Fig. 2 Hierarchical clustering analysis of CrMs treatment on CK treatment

2.4 白菜根际微生物的 Alpha 多样性分析

不同处理的多样性(α 多样性)测量表明,甜玉米轮作配施万寿菊秸秆处理的 Chao1、Richness 和 Shannon 指数均显著提高,说明甜玉米轮作配施万寿菊秸秆处理与对照相比显著提高了白菜根际细菌群落多样性,富集到了更多的细菌种群(图 3(a)~(d));甜玉米轮作配施万寿菊秸秆处理与对照相比对白菜根际真菌群落多样性影响不显著(图 3(e)~(h))。

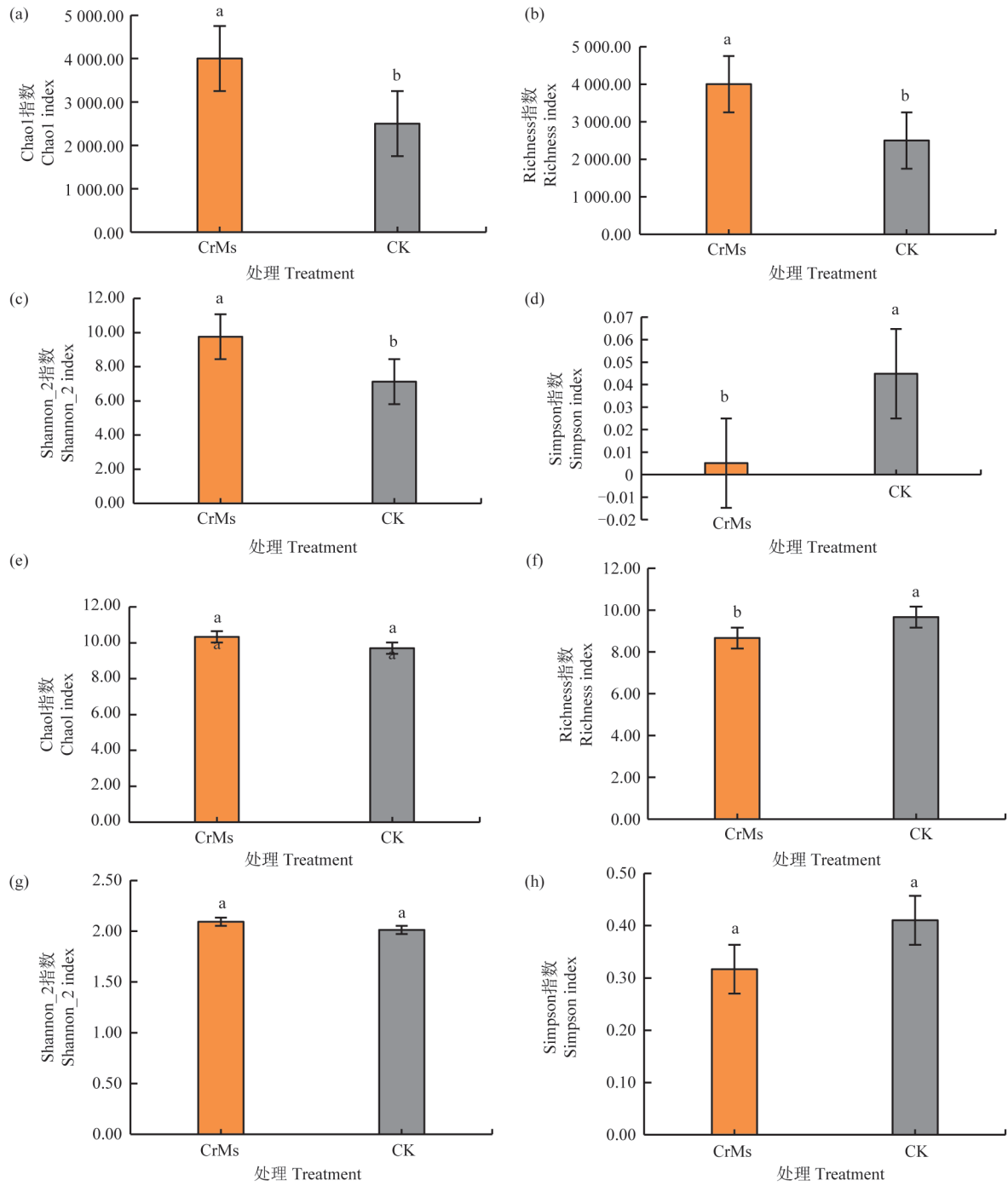
2.5 甜玉米轮作配施万寿菊秸秆处理对白菜根际微生物群落的影响

基于 Bray-Curtis 距离算法的主成分分析发现,甜玉米轮作配施万寿菊秸秆处理与对照的白菜根际微生物群落组成相比存在显著差异。通过观察

细菌(图 4(a))和真菌(图 4(b))在 OTU 分类水平的 PCoA 聚类图发现,CrMs 处理的白菜根际细菌和真菌与 CK 相比,在 OTU 分类水平上都显著分离,不同处理组间分离程度大于同一处理组间分离程度;在 2 个 PCoA 聚类图中,细菌处理间的 OTU 聚类分离程度大于真菌两处理间的分离程度。说明甜玉米轮作配施万寿菊秸秆处理对白菜根际细菌的影响大于对真菌的影响。

2.6 真菌和细菌在门级分类水平上丰度前 20 的物种组成

通过相对丰度占前 20 的细菌门(图 5(a))和真菌门(图 5(b))发现,CrMs 处理与 CK 相比,白菜根际土壤中细菌和真菌群落组成发生了显著变化。在所有土样中变形菌门(Proteobacteria)、拟杆菌门



(a)~(d)为细菌多样性指数,(e)~(h)为真菌多样性指数。

(a)~(d) is the bacterial diversity index, (e)~(h) is the fungal diversity index.

图3 Alpha多样性指数分析

Fig. 3 Alpha diversity index analysis

(Bacteroidetes)和放线菌门(Actinobacteria)为优势细菌门,甜玉米轮作配施万寿菊秸秆处理显著提高了白菜根际酸杆菌门(Acidobacteria)、绿弯菌门(Chloroflexi)、芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)、疣

微菌门(Verrucomicrobia)、厚壁菌门(Firmicutes)、浮霉菌门(Planctomycetes)和硝化螺旋菌门(Nitrospirae)等的相对丰度,显著降低了髌骨细菌门(Patescibacteria)的相对丰度;在所有土样中子囊菌

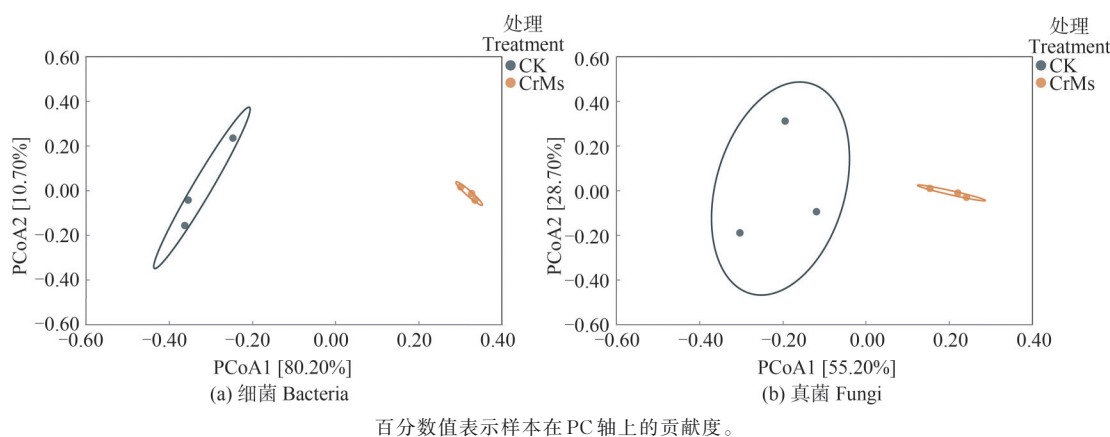


图 4 物种群落组成 PCoA 聚类图

Fig. 4 PCoA clustering diagram of species community composition

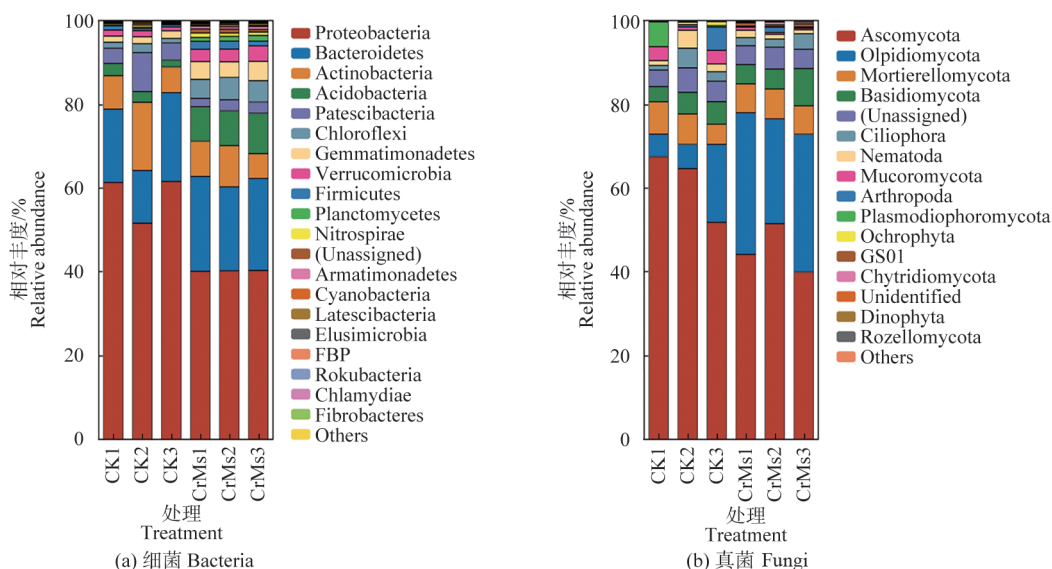


图 5 在门级分类水平相对丰度前 20 的物种组成图

Fig. 5 Species composition maps of the top 20 relative abundances at the phylum level

门(Ascomycota)、油壶菌门(Olpidiomycota)、被孢霉门(Mortierellomycota)和担子菌门(Basidiomycota)为优势真菌门,甜玉米轮作配施万寿菊秸秆处理后显著提高了油壶菌门、罗兹菌门(Chytridiomycota)和 GS01 的相对丰度,显著降低了根肿菌门(Plasmodiophoromycota)、毛霉门(Mucoromycota)和甲藻类(Dinophyta)的相对丰度。

2.7 真菌和细菌在属级分类水平丰度前 20 的物种组成

通过相对丰度占前 20 的细菌属(图 6(a))和真菌属(图 6(b))发现,甜玉米轮作配施万寿菊秸秆处

理与对照相比,白菜根际土壤中细菌和真菌群落组成发生了显著变化。在所有土样中假单胞菌属(*Pseudomonas*)、黄杆菌属(*Flavobacterium*)、异样根瘤菌属(*Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium*)、*Pseudarthrobacter*和鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)为优势细菌属,CrMs 处理显著提高了白菜根际鞘氨醇单胞菌属、苔藓杆菌属(*Bryobacter*)和芽胞杆菌属(*Bacillus*)的相对丰度,显著降低了假单胞菌属、*Pseudarthrobacter*、异样根瘤菌属、不动杆菌属(*Acinetobacter*)、嗜酸菌属(*Acidovorax*)、*Pedobacter*、*Flavihumibacter*、氢噬胞

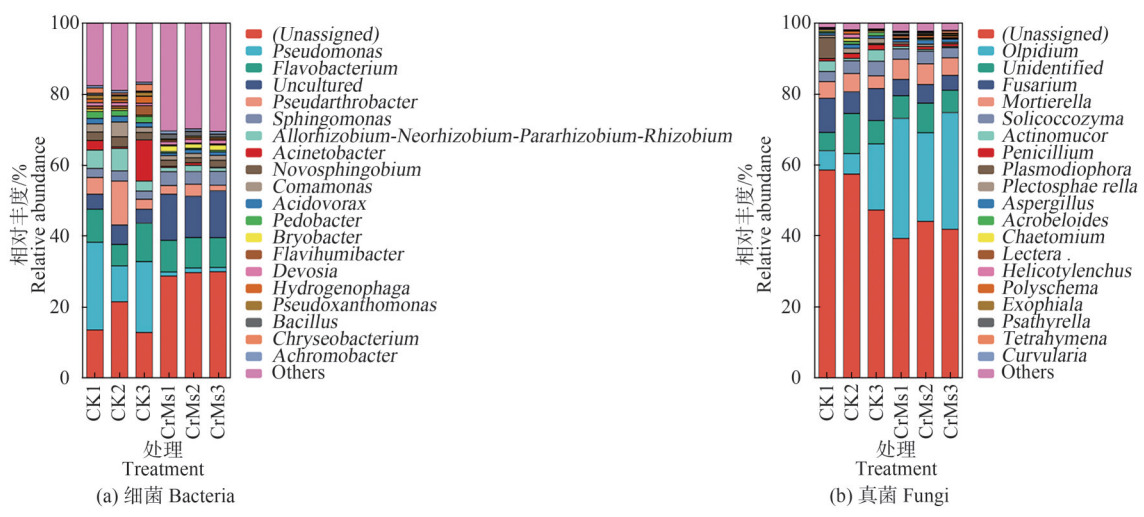


图6 在属级分类水平相对丰度前20的物种组成图

Fig. 6 The species composition diagram of the top 20 relative abundances at the genus level classification level

菌属 (*Hydrogenophaga*) 和产吡啶金黄杆菌 (*Chryseobacterium*) 的相对丰度; 在所有土样中油壶菌属 (*Olpidium*)、镰刀菌属 (*Fusarium*) 和被孢霉属 (*Mortierella*) 为优势真菌属, CrMs 处理显著提高了油壶菌属、*Psathyrella* 和 *Tetrahymena* 的相对丰度, 显著降低了根肿菌属 (*Plasmodiophora*)、镰刀菌属、*Actinomucor*、*Acroboloides*、螺旋线虫属 (*Helicotylenchus*) 和织球壳菌 (*Plectosphaerella*) 的相对丰度。

2.8 根肿病菌与根际真菌的相关性分析

通过相关性网络图分析真菌门级分类水平 (图7(a)) 和属级分类水平 (图7(b)) 相对丰度前30的物种间的相互关系发现: 以根肿菌门关联的一共有4条连线, 其中子囊菌门、丝足虫门 (*Cercozoa*) 与根肿菌门的丰度正相关, GS01、油壶菌门与根肿菌门的丰度负相关; 以根肿菌属关联的一共有7条连线, 其中镰刀菌属与根肿菌属的丰度正相关, 油壶菌属、枝孢菌属 (*Cladorrhinum*)、*Pratylenchus*、*Sagenomella*、*Microdochium* 和 *Psathyrella* 与根肿菌属丰度负相关。

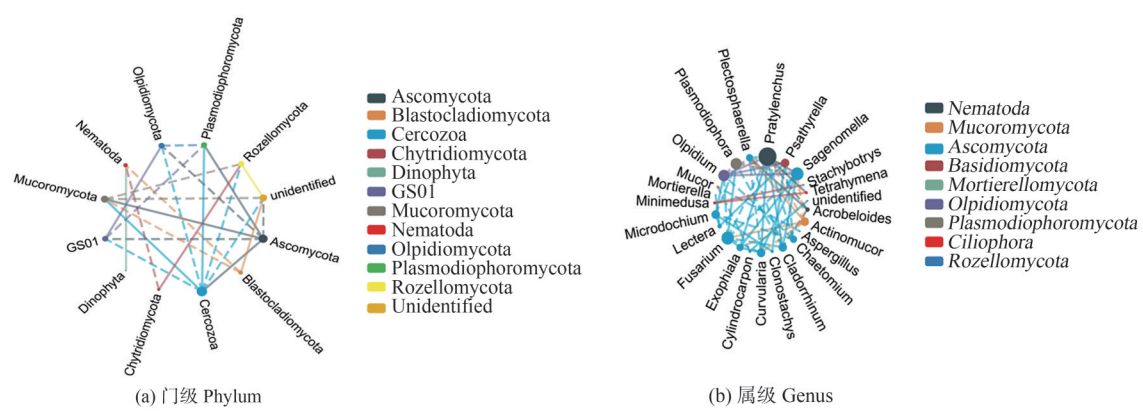


图7 真菌在门、属级水平物种相关性网络图

Fig. 7 Species correlation network diagram of fungi at phylum and genus level

2.9 白菜根际细菌共线性网络图

根据细菌属级分类水平丰度前50的物种组成, 分别绘制了CrMs处理 (图8(a)) 和CK (图8(b)) 白菜根际细菌共线性网络图。CrMs处理白菜根际细菌主要有黄杆菌属、鞘氨醇单胞菌属、

Pseudarthrobacter、新鞘脂菌属 (*Novosphingobium*)、苔藓杆菌属、Unassigned 和 Uncultured, CK处理白菜根际细菌主要有假单胞菌属、Unassigned、黄杆菌属、假节杆菌属 (*Pseudarthrobacter*)、不动杆菌属、异样根瘤菌属和

Uncultured。CrMs 处理后提高了白菜根际细菌群落组成中鞘氨醇单胞菌属、芽胞杆菌属、溶杆菌属 (*Lysobacter*)、慢生根瘤菌属 (*Bradyrhizobium*)、苔藓杆菌属、乳杆菌属 (*Lacibacter*)、节杆菌属 (*Arthrobacter*) 和链霉菌属 (*Streptomyces*) 的丰度, 对照处理白菜根际细菌假单胞菌属、假节杆菌属、

不动杆菌属、丛毛单胞菌 (*Comamonas*)、食酸菌属 (*Acidovorax*)、土地杆菌属 (*Pedobacter*)、黄腐杆菌属 (*Flavhumibacter*)、假黄色单胞菌属 (*Pseudoxanthomonas*) 和金黄杆菌属的丰度高于 CrMs 处理 (图 8)。

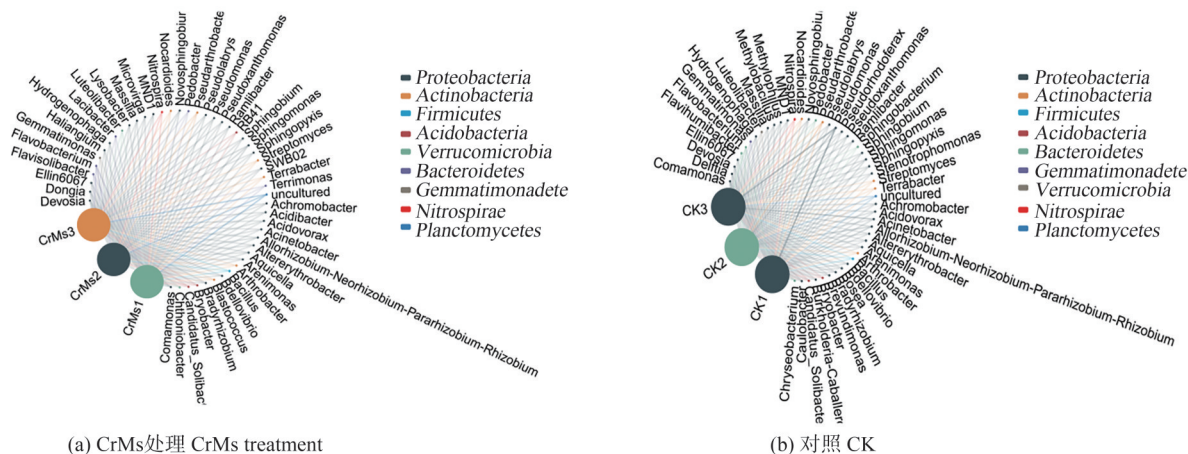


图8 CrMs处理和对照细菌属级分类水平共线性的网络图

Fig. 8 Network diagram of collinearity between treatment and control bacteria at genus level classification level

2.10 差异真菌属和差异代谢物的相关性热图

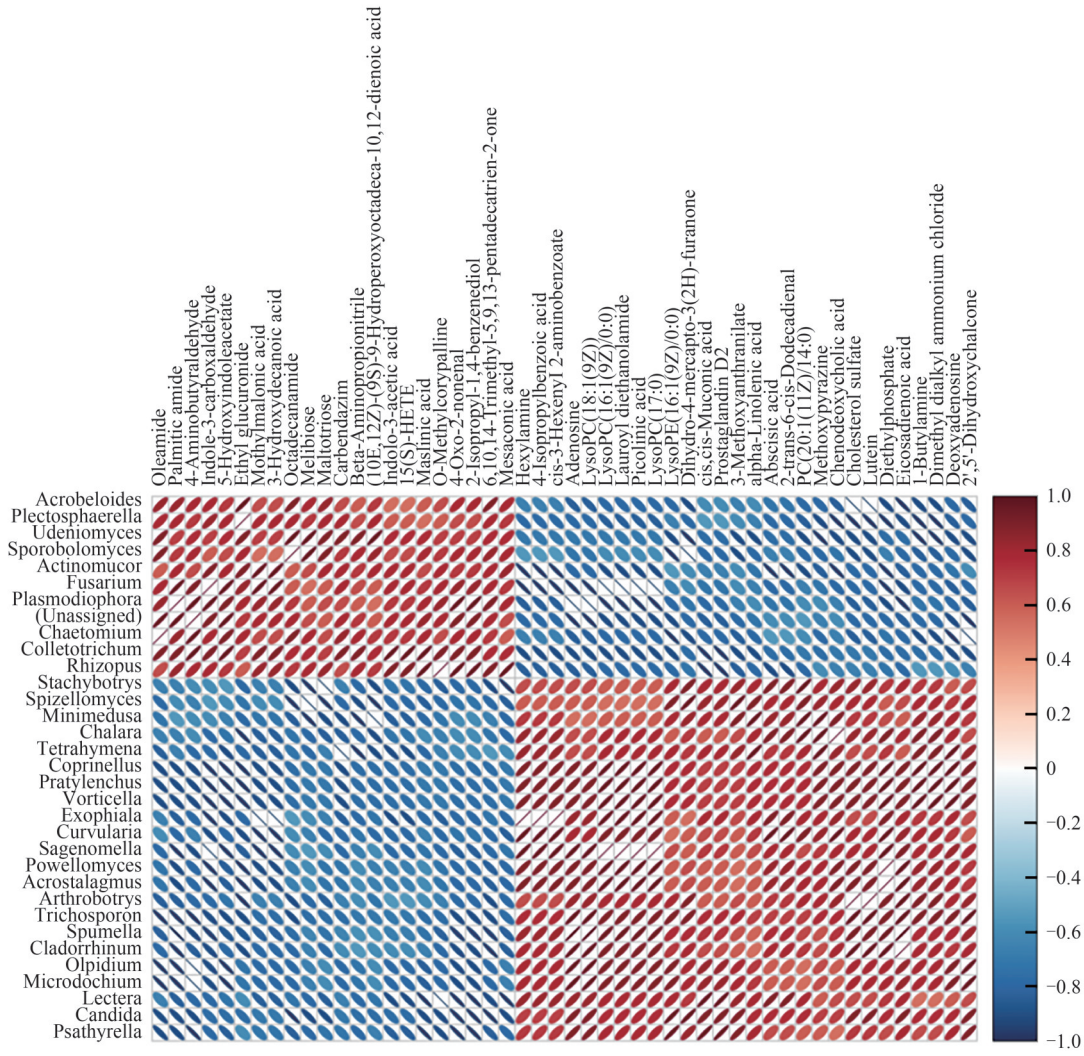
通过相关性热图分析微生物组组成成分与代谢组单个代谢物之间的相互关系, 挑选出与物种显著相关的代谢物。基于真菌属级分类水平的群落组成与代谢物组数据, 计算出 Pearson/Spearman 相关系数, 并制作了相关性热图 (图 9)。根肿菌属的相对丰度与 5-羟基吲哚乙酸 (5-Hydroxyindoleacetate)、油酸酰胺、3-羟基癸酸 (3-Hydroxydecanoic acid)、异丙基对苯二酚 (2-Isopropyl-1, 4-benzenediol)、中康酸 (Mesaconic acid)、乙基葡萄糖醛酸 (Ethyl glucuronide)、山楂酸 (Maslinic acid) 和麦芽三糖 (Maltotriose) 等代谢物含量正相关, 与亚麻酸、脱落酸 (Abscisic acid)、叶黄素 (Lutein)、对异丙基苯甲酸 (4-Isopropylbenzoic acid)、月桂酰胺 (Lauroyl diethanolamide)、3-Methoxyanthranilate、正己胺 (Hexylamine)、Dihydro-4-mercapto-3 (2H) -furanone、2', 5'-Dihydroxychalcone、二十碳二烯酸 (Eicosadienoic acid)、5'-脱氧腺苷 (Deoxyadenosine)、脱氧鹅胆酸、胆甾醇硫酸盐 (Cholesterol sulfate) 和甲氧基吡嗪

(Methoxypyrazine) 等代谢物含量负相关。

3 讨论

白菜在我国种植历史悠久且营养价值丰富, 深受人们喜爱。但近年来随着根肿病在我国各地的爆发, 已成为制约十字花科蔬菜发展的重要土传病害。轮作作为绿色防控土传病害的重要措施之一, 合理轮作可以调节土壤肥力, 均衡土壤养分, 促进作物生长和降低病虫害发生^[35]。有研究表明玉米根系分泌物能有效抑制烟草疫霉菌和大豆疫霉菌活性^[36-38], 此外玉米根系分泌物还能在一定程度上缓解连作花生土壤酚酸类物质的化感抑制作用^[39]。据报道万寿菊通过化感作用可以控制番茄早期疫病发生^[40]; 万寿菊与烟草轮作可以改善植烟土壤细菌群落结构, 缓解烟草连作障碍^[41]; 并且万寿菊秸秆具有抑制有害微生物的作用, 是一种有效的连作土壤修复材料^[42]。因此, 本研究通过甜玉米轮作后配施万寿菊秸秆的综合措施防治白菜根肿病, 研究结果表明: 非寄主作物轮作配施秸秆的措施, 将成为未来绿色综合防控十字花科蔬菜根肿病的重要手段。

根际土壤中的代谢物是植物与微生物互作的



图上方为差异代谢物,左边为差异物种。颜色深浅及椭圆偏心率表示相关性大小,蓝色表示负相关,红色表示正相关。
The top of the figure is the differential metabolite, and the left is the differential species. The color depth and ellipse eccentricity indicate the correlation size, blue indicates a negative correlation, and red indicates a positive correlation.

图9 差异真菌属和差异代谢物的相关性热图

Fig. 9 Correlation thermograms of different fungal genus and different metabolites

纽带,并且与微生物的群落组成、植物的生长发育和健康情况密切相关,随着单一作物长期连作,加剧了连作障碍、土壤退化和土传病害的发生。寄主作物根际有机酸、酚酸、阿魏酸、苯甲酸和肉桂酸等化感自毒物质的大量积累能降低寄主的防御能力,并富集大量的病原菌,同时也能直接促进病原菌的生长和孢子的萌发,进而加重土传病害的爆发^[43-45]。甜玉米轮作配施万寿菊秸秆返田处理改变了白菜根际的代谢组,提高了白菜根际中 α -亚麻酸、亚麻酸及其衍生物(Dihydrojasmonic acid)、鹅去氧胆酸和11,14-二十碳二烯酸C20:2(Eicosadienoic acid)等

代谢物的含量。通过关联性分析发现:5-羟基吡啶乙酸和油酸酰胺等代谢物的含量对根肿病菌丰度有积极作用,这些代谢物的富集可能有利于白菜根肿病的发生;另一方面, α -亚麻酸、脱落酸和二十碳二烯酸等代谢物与根肿病菌丰度的降低相关;此外,据报道, α -亚麻酸等不饱和脂肪酸的合成能提高植物的抗性^[46-47]。代谢组学的研究对挖掘病害发生因素和制定相应的病害防治措施具有重要意义,本研究表明,甜玉米轮作配施万寿菊秸秆处理和对照的白菜前期根际土壤中代谢物的组成对根肿病发生具有显著相关性,但对于差异代谢物如何(正/

负)影响根肿病菌,并介导根肿病的发生还需进一步的试验验证。

根际微生物组能帮助营养吸收、支持非生物胁迫耐受性和保护宿主免受病原体侵害,是植物生长和健康的重要决定因素^[29, 48]。甜玉米轮作配施万寿菊秸秆返田处理后丰富了白菜根际土中微生物多样性,改善了土壤微生物群落结构。甜玉米轮作配施万寿菊秸秆处理显著提高了白菜根际芽胞杆菌属、慢生根瘤菌属、链霉菌属和溶杆菌属的相对丰度,这些细菌种群曾报道对根肿病具有良好的生防效果^[14-17];同时降低了白菜根际土中根肿菌属、镰刀菌属和螺旋线虫属的相对丰度。测序结果表明镰刀菌属和螺旋线虫属的相对丰度与根肿病菌的病情指数正相关,因此,根肿病菌侵染白菜根系的过程中镰刀菌属和螺旋线虫属可能产生积极作用。在农业生产中,土传病害的发生情况复杂,会存在不同病原菌协同侵染的情况,使防治工作更加困难,因此在防控土传病害的过程中还应重视对植物根际微生态的优化^[49]。综上所述,本研究认为甜玉米轮作配施万寿菊秸秆返田处理通过重塑白菜根际微生物群落,提高了微生物多样性,改善了微生物群落结构,降低了根肿菌和与根肿菌正相关菌群的相对丰度,直接或间接地减轻了白菜根肿病的发生。

4 结 论

甜玉米轮作配施万寿菊秸秆返田处理后显著降低了根肿菌休眠孢子数量,改变了白菜根际代谢物的组成和微生物多样性,改善了白菜根际细菌和真菌的群落结构,有效降低了白菜根肿病的发生,在根肿病的防控中有较好的推广前景。本研究有助于阐明新的生态栽培模式调控白菜根肿病发生的机制,为今后蔬菜产业的提质增效提供理论依据和关键的技术参考。

参考文献 References

- [1] 司军, 李成琼, 任雪松, 肖崇刚. 十字花科植物根肿病及抗根肿病育种研究进展[J]. 西南农业学报, 2002, 15(2): 69-72
Si J, Li C Q, Ren X S, Xiao C G. Research progress on clubroot disease and breeding for clubroot resistance of crucifer [J]. *Southwest China Journal of Agricultural Sciences*, 2002, 15(2): 69-72 (in Chinese)
- [2] Li J P, Li Y, Shi Y X, Xie X W, Chai A L, Li B J. Development of A real-time PCR assay for *Plasmodiophora brassicae* and its detection in soil samples[J]. *Journal of Integrative Agriculture*, 2013, 12(10): 1799-1806
- [3] 张凡, 李林梅, 崔海芳, 尹俊龙, 郭英琪, 岳艳玲. 十字花科植物抗根肿病研究进展[J]. 湖南生态科学学报, 2017, 4(3): 57-62
Zhang F, Li L M, Cui H F, Yin J L, Guo Y Q, Yue Y L. Current research of crucifer clubroot resistance [J]. *Journal of Hunan Ecological Science*, 2017, 4(3): 57-62 (in Chinese)
- [4] 龙同, 张亚妮, 杨妮娜, 曹春霞, 张光阳, 张士龙, 程贤亮, 黄大野, 万中义. 大白菜根肿病生物防治研究进展[J]. 湖北农业科学, 2019, 58(5): 5-8
Long T, Zhang Y N, Yang N N, Cao C X, Zhang G Y, Zhang S L, Cheng X L, Huang D Y, Wan Z Y. Progress in biological control of Chinese cabbage clubroot disease [J]. *Hubei Agricultural Sciences*, 2019, 58(5): 5-8 (in Chinese)
- [5] Jäschke D, Dugassa-Gobena D, Karlovsky P, Vidal S, Ludwig-Müller J. Suppression of clubroot (*Plasmodiophora brassicae*) development in *Arabidopsis thaliana* by the endophytic fungus *Acremonium alternatum* [J]. *Plant Pathology*, 2010, 59(1): 100-111
- [6] 王靖, 黄云, 李小兰, 黎怀忠. 十字花科根肿病研究进展[J]. 植物保护, 2011, 37(6): 153-158
Wang J, Huang Y, Li X L, Li H Z. Research progress in clubroot of crucifers [J]. *Plant Protection*, 2011, 37(6): 153-158 (in Chinese)
- [7] Dixon G R. The occurrence and economic impact of *Plasmodiophora brassicae* and clubroot disease [J]. *Journal of Plant Growth Regulation*, 2009, 28(3): 194-202
- [8] Chai A L, Xie X W, Shi Y X, Li B J. Research status of clubroot (*Plasmodiophora brassicae*) on cruciferous crops in China [J]. *Canadian Journal of Plant Pathology*, 2014, 36(sup1): 142-153
- [9] Webster M A. *pH and Nutritional Effects on Infection by Plasmodiophora brassicae* Wor and on Clubroot Symptoms [M]. United Kingdom: University of Aberdeen ProQuest Dissertations Publishing, 1986
- [10] Murakami H, Tsushima S, Kuroyanagi Y, Shishido Y. Reduction of resting spore density of *Plasmodiophora brassicae* and clubroot disease severity by liming [J]. *Soil Science and Plant Nutrition*, 2002, 48(5): 685-691
- [11] Niwa R, Nomura Y, Osaki M, Ezawa T. Suppression of clubroot disease under neutral pH caused by inhibition of spore germination of *Plasmodiophora brassicae* in the rhizosphere [J]. *Plant Pathology*, 2008, 57(3): 445-452
- [12] Liao J J, Luo L, Zhang L, Wang L Z, Shi X D, Yang H, Tan S, Tan L, Liu X, Wang D D, Mao Z C. Comparison of the effects of three fungicides on clubroot disease of tumorous stem mustard and soil bacterial community [J]. *Journal of Soils and Sediments*, 2021, 22: 256-271
- [13] Wang Y, Luo W B, Huang Y, Xu L Y, Yin Y. Improved control of clubroot (*Plasmodiophora brassicae*) by a mixture of a fungicide and a plant defense inducer [J]. *Journal of Plant Diseases and Protection*, 2017, 124(1): 67-71
- [14] Arif S, Liaquat F, Yang S L, Shah I H, Zhao L N, Xiong X, Garcia D, Zhang Y D. Exogenous inoculation of endophytic bacterium *Bacillus cereus* suppresses clubroot (*Plasmodiophora brassicae*) occurrence in pak choi (*Brassica campestris* sp chinensis L) [J]. *Planta*, 2021, 253(2): 1-15
- [15] He P J, Cui W Y, Munir S, He P F, Li X Y, Wu Y X, Yang X W, Tang P, He Y Q. *Plasmodiophora brassicae* root hair interaction and control by *Bacillus subtilis* XF-1 in Chinese cabbage [J]. *Biological Control*, 2019, 128: 56-63
- [16] Zhu M L, He Y W, Li Y, Ren T R, Liu H, Huang J B, Jiang D H, Hsiang T, Zheng L. Two new biocontrol agents against clubroot caused by *Plasmodiophora brassicae* [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2020, 10: 3099
- [17] Fu L N, Li H M, Wei L F, Yang J, Liu Q, Wang Y T, Wang X, Ji G H.

- Antifungal and biocontrol evaluation of four *Lysobacter* strains against clubroot disease[J]. *Indian Journal of Microbiology*, 2018, 58(3): 353-359
- [18] Zheng J Y, Zhao H C, Ma Y M, Jiang M L, Zhan Z X, Li X N, Piao Z Y. Marker-assisted pyramiding of genes for multilocular ovaries, self-compatibility, and clubroot resistance in Chinese cabbage (*Brassica rapa* L ssp *pekinensis*)[J]. *Horticulturae*, 2022, 8(2): 139
- [19] Cao T S, Manolii V P, Zhou Q X, Hwang S F, Strelkov S E. Effect of canola (*Brassica napus*) cultivar rotation on *Plasmodiophora brassicae* pathotype composition [J]. *Canadian Journal of Plant Science*, 2020, 100(2): 218-225
- [20] Hwang S F, Ahmed H U, Zhou Q, Fu H, Turnbull G D, Fredua-Agyeman R, Strelkov S E, Gossen B D, Peng G. Influence of resistant cultivars and crop intervals on clubroot of canola[J]. *Canadian Journal of Plant Science*, 2019, 99(6): 862-872
- [21] Peng G, Pageau D, Strelkov S E, Gossen B D, Hwang S F, Lahlali R. A>2-year crop rotation reduces resting spores of *Plasmodiophora brassicae* in soil and the impact of clubroot on canola [J]. *European Journal of Agronomy*, 2015, 70: 78-84
- [22] Yang X X, Huang X Q, Wu W X, Xiang Y J, Du L, Zhang L, Liu Y. Effects of different rotation patterns on the occurrence of clubroot disease and diversity of rhizosphere microbes [J]. *Journal of Integrative Agriculture*, 2020, 19(9): 2265-2273
- [23] Peng G, Lahlali R, Hwang S F, Pageau D, Hynes R K, McDonald M R, Gossen B D, Strelkov S E. Crop rotation, cultivar resistance, and fungicides/biofungicides for managing clubroot (*Plasmodiophora brassicae*) on canola[J]. *Canadian Journal of Plant Pathology*, 2014, 36(sup1): 99-112
- [24] Chen S C, Zhou X G, Yu H J, Wu F Z. Root exudates of potato onion are involved in the suppression of clubroot in a Chinese cabbage-potato onion-Chinese cabbage crop rotation [J]. *European Journal of Plant Pathology*, 2018, 150(3): 765-777
- [25] Dixon G R. Clubroot (*Plasmodiophora brassicae* Woronin) -an agricultural and biological challenge worldwide[J]. *Canadian Journal of Plant Pathology*, 2014, 36(sup1): 5-18
- [26] Raza W, Ling N, Yang L D, Huang Q W, Shen Q R. Response of tomato wilt pathogen *Ralstonia solanacearum* to the volatile organic compounds produced by a biocontrol strain *Bacillus amyloliquefaciens* SQR-9[J]. *Scientific Reports*, 2016, 6(1): 24856
- [27] Carrión V J, Cordovez V, Tyc O, Etalo D W, de Bruijn I, de Jager V C L, Medema M H, Eberl L, Raaijmakers J M. Involvement of Burkholderiaceae and sulfurous volatiles in disease-suppressive soils [J]. *The ISME Journal*, 2018, 12(9): 2307-2321
- [28] Hollman K B, Hwang S F, Manolii V P, Strelkov S E. Pathotypes of *Plasmodiophora brassicae* collected from clubroot resistant canola (*Brassica napus* L) cultivars in western Canada in 2017–2018 [J]. *Canadian Journal of Plant Pathology*, 2021, 43(4): 622-630
- [29] Tso H H, Galindo-González L, Strelkov S E. Current and future pathotyping platforms for *Plasmodiophora brassicae* in Canada [J]. *Plants*, 2021, 10(7): 1446
- [30] 魏兰芳, 张荣琴, 姚博, 张晋豪, 熊新穎, 代真林, 艾瑛, 姬广海. 大豆轮作及秸秆还田模式对白菜根肿病的影响[J]. 江西农业大学学报, 2021, 43(1): 52-62
- Wei L F, Zhang R Q, Yao B, Zhang J H, Xiong X Y, Dai Z L, Ai Y, Ji G H. Effect of rotating soybean and its straw returning on Chinese cabbage clubroot disease[J]. *Acta Agriculturae Universitatis Jiangxiensis*, 2021, 43(1): 52-62 (in Chinese)
- [31] 李森, 周丽洪, 刘雅婷, 刘峰, 杨俊, 姬广海. 云南省十字花科蔬菜根肿病的实时荧光定量PCR检测[J]. 云南农业大学学报: 自然科学, 2016, 31(1): 43-48
- Li M, Zhou L H, Liu Y T, Liu F, Yang J, Ji G H. Detection of *Plasmodiophora brassicae* with real-time quantitative PCR in Yunnan Province [J]. *Journal of Yunnan Agricultural University: Natural Science*, 2016, 31(1): 43-48 (in Chinese)
- [32] Alseekh S, Aharoni A, Brotman Y, Contrepois K, D'Auria J, Ewald J, C Ewald J, Fraser P D, Gialvalisco P, Hall R D, Heinemann M, Link H, Luo J, Neumann S, Nielsen J, Perez de Souza L, Saito K, Sauer U, Schroeder F C, Schuster S, Siuzdak G, Skirycz A, Sumner L W, Snyder M P, Tang H R, Tohge T, Wang Y L, Wen W W, Wu S, Xu G W, Zamboni N, Fernie A R. Mass spectrometry-based metabolomics: A guide for annotation, quantification and best reporting practices [J]. *Nature Methods*, 2021, 18(7): 747-756
- [33] Zhang J H, Ahmed W, Dai Z L, Zhou X H, He Z L, Wei L F, Ji G H. Microbial consortia: An engineering tool to suppress clubroot of Chinese cabbage by changing the rhizosphere bacterial community composition[J]. *Biology*, 2022, 11(6): 918
- [34] 汪娅婷, 付丽娜, 姬广海, 杨俊, 王星, 张晋豪, 王彦芳, 刘棋. 基于高通量测序技术研究云南玉米根际微生物群落多样性[J]. 江西农业大学学报, 2019, 41(3): 491-500
- Wang Y T, Fu L N, Ji G H, Yang J, Wang X, Zhang J H, Wang Y F, Liu Q. A study of the microbial community diversity of corn rhizosphere in Yunnan Province based on high-throughput sequencing technique[J]. *Acta Agriculturae Universitatis Jiangxiensis*, 2019, 41(3): 491-500 (in Chinese)
- [35] Yu T Z, Mahe L, Li Y, Wei X E, Deng X S, Zhang D. Benefits of crop rotation on climate resilience and its prospects in China[J]. *Agronomy*, 2022, 12(2): 436
- [36] 张立猛, 方玉婷, 计思贵, 焦永鸽, 廖静静, 李江舟, 邓维萍, 朱书生, 尹加文, 杨敏. 玉米根系分泌物对烟草黑胫病菌的抑制活性及其抑菌物质分析[J]. 中国生物防治学报, 2015, 31(1): 115-122
- Zhang L M, Fang Y T, Ji S G, Jiao Y G, Liao J J, Li J Z, Deng W P, Zhu S S, Yin J W, Yang M. Inhibitory activity of maize root exudates against *Phytophthora nicotianae* and antifungal compounds analysis[J]. *Chinese Journal of Biological Control*, 2015, 31(1): 115-122 (in Chinese)
- [37] 张贺, 何依依, 吴家庆, 杨雨馨, 郑凯元, 杨敏, 朱书生, 何霞红, 朱有勇, 刘屹湘. 玉米根系分泌物中关键抑菌物质对大豆疫霉的抑菌活性[J]. 植物保护, 2019, 45(6): 124-130
- Zhang H, He Y Y, Wu J Q, Yang Y X, Zheng K Y, Yang M, Zhu S S, He X H, Zhu Y Y, Liu Y X. Inhibitory activity of the key antifungal substances in maize root exudates against *Phytophthora sojae*[J]. *Plant Protection*, 2019, 45(6): 124-130 (in Chinese)
- [38] Zhang H, Yang Y X, Mei X Y, Li Y, Wu J Q, Li Y W, Wang H L, Huang H C, Yang M, He X H, Zhu S S, Liu Y X. Phenolic acids released in maize rhizosphere during maize-soybean intercropping inhibit phytophthora blight of soybean[J]. *Frontiers in Plant Science*, 2020, 11: 886
- [39] 李庆凯, 刘苹, 赵海军, 宋效宗, 林海涛, 沈玉文, 李林, 万书波. 玉米根系分泌物缓解连作花生土壤酚酸类物质的化感抑制作用[J]. 中国油料作物学报, 2019, 41(6): 921-931
- Li Q K, Liu P, Zhao H J, Song X Z, Lin H T, Shen Y W, Li L, Wan S B. Maize root exudates alleviated allelopathic inhibition of phenolic acids in soil of continuous cropping peanut [J]. *Chinese Journal of Oil Crop Sciences*, 2019, 41(6): 921-931 (in Chinese)
- [40] Gómez-Rodríguez O, Zavaleta-Mejía E, González-Hernández V A, Livera-Muñoz M, Cárdenas-Soriano E. Allelopathy and microclimatic

- modification of intercropping with marigold on tomato early blight disease development[J]. *Field Crops Research*, 2003, 83(1): 27-34
- [41] 黎妍妍, 冯吉, 王林, 付裕, 李锡宏. 万寿菊-烟草轮作调理植烟土壤细菌群落结构的作用[J]. 中国烟草科学, 2021, 42(1): 14-19
- Li Y Y, Feng J, Wang L, Fu Y, Li X H. Effects of marigold-tobacco rotation on bacterial community structure in tobacco rhizosphere soil[J]. *Chinese Tobacco Science*, 2021, 42(1): 14-19 (in Chinese)
- [42] 王晓芳, 赵玉文, 王玫, 王海燕, 盛月凡, 尹承苗, 陈学森, 毛志泉. 万寿菊秸秆用于苹果连作土壤生物修复材料的潜力[J]. 植物营养与肥料学报, 2019, 25(6): 933-942
- Wang X F, Zhao Y W, Wang M, Wang H Y, Sheng Y F, Yin C M, Chen X S, Mao Z Q. Potential of marigold straws used for biological disinfection to continuous cropped apple orchard[J]. *Journal of Plant Nutrition and Fertilizers*, 2019, 25(6): 933-942 (in Chinese)
- [43] 任改弟, 王光飞, 马艳. 根系分泌物与土传病害的关系研究进展[J]. 土壤, 2021, 53(2): 229-235
- Ren G D, Wang G F, Ma Y. Research progresses on relationship between plant root exudates and soil-borne diseases[J]. *Soils*, 2021, 53(2): 229-235 (in Chinese)
- [44] Ye S F, Zhou Y H, Sun Y, Zou L Y, Yu J Q. Cinnamic acid causes oxidative stress in cucumber roots, and promotes incidence of *Fusarium wilt*[J]. *Environmental and Experimental Botany*, 2006, 56(3): 255-262
- [45] 周远锋, 冯瑞, 汤利. 根系分泌物介导的间作防控土传病害作用机制研究进展[J]. 云南农业大学学报:自然科学, 2023, 38(2): 353-360
- Zhou Y F, Feng R, Tang L. Research progress on the root exudate-mediated mechanism of intercropping for prevention and control of soil-borne diseases[J]. *Journal of Yunnan Agricultural University: Natural Science*, 2023, 38(2): 353-360 (in Chinese)
- [46] Deng L, Luo L, Li Y, Wang L T, Zhang J X, Zi B, Ye C, Liu Y X, Huang H C, Mei X Y, Deng W P, He X H, Zhu S S, Yang M. Autotoxic ginsenoside stress induces changes in root exudates to recruit the beneficial *Burkholderia* strain B36 as revealed by transcriptomic and metabolomic approaches[J]. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 2023, 71(11): 4536-4549
- [47] 王利民, 符真珠, 高杰, 董晓宇, 张晶, 袁欣, 蒋卉, 王慧娟, 李艳敏, 师曼, 张和臣. 植物不饱和脂肪酸的生物合成及调控[J]. 基因组学与应用生物学, 2020, 39(1): 254-258
- Wang L M, Fu Z Z, Gao J, Dong X Y, Zhang J, Yuan X, Jiang H, Wang H J, Li Y M, Shi M, Zhang H C. Molecular mechanism of unsaturated fatty acids synthesis and regulation in plant[J]. *Genomics and Applied Biology*, 2020, 39(1): 254-258 (in Chinese)
- [48] 刘栓桃, 王树彬, 王荣花, 张志刚, 李巧云, 王立华, 赵智中. 大白菜抗根肿病分子标记研究进展[J]. 山东农业科学, 2022, 54(6): 156-164
- Liu S T, Wang S B, Wang R H, Zhang Z G, Li Q Y, Wang L H, Zhao Z Z. Research progress of molecular markers against *Plasmodiophora brassicae* in Chinese cabbage[J]. *Shandong Agricultural Sciences*, 2022, 54(6): 156-164 (in Chinese)
- [49] 杨珍, 戴传超, 王兴祥, 李孝刚. 作物土传真菌病害发生的根际微生物机制研究进展[J]. 土壤学报, 2019, 56(1): 12-22
- Yang Z, Dai C C, Wang X X, Li X G. Advance in research on rhizosphere microbial mechanisms of crop soil-borne fungal diseases[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2019, 56(1): 12-22 (in Chinese)

责任编辑:董金波



第一作者简介:周星海,男,硕士研究生,毕业于云南农业大学植物保护学院植物病理学专业,研究方向为生物多样性与植物病害控制。以第一作者身份发表文章2篇,参与发表文章3篇。参与国家重点研发“主要经济作物重要及新成灾病害绿色综合防控技术”项目(2019YFD1002000)、国家自然科学基金项目(32260701)和景谷烟区烟草青枯病综合防控技术研究与应用项目(PEYCKY202201)。2020—2021年度获“学业三等奖学金”,2021—2022年度获“学业一等奖学金”,2023年3月被评为校级优秀毕业生。



通讯作者简介:姬广海,男,1970年生,博士,博士生导师。云南农业大学植物保护学院二级教授,云南省中青年学术与技术带头人,云南省万人计划“产业技术领军人才”。致力于植物病害研究及生防资源的开发与利用工作,重点围绕土传病害病原群体遗传多态性与病害控制技术、重要病害生防关键技术和连作障碍解除技术等开展研究。近5年来,主持承担国家自然科学基金、国家和省部级重点研发计划项目14项;研究成果“十字花科根肿病生物防控技术研究示范”获云南省科学技术进步一等奖和中国植保学会科学研究类一等奖,“水稻白叶枯病原群体遗传多态性与病害控制技术研究”获得云南省自然科学三等奖;发表致病生防相关学术论文60余篇,其中SCI论文30余篇。获授权发明专利12项,出版专著、教材4部。