张星哲,孟祥海,徐德海,等.醉蝶花熏蒸对黄瓜根际土壤真菌多样性的影响[J].山西农业大学学报(自然科学版),2025,45(5):41-47.
Zhang X Z, Meng X H, Xu D H,et al.Effects of *Cleome spinosa* fumigation on fungal diversity in cucumber rhizosphere soil[J]. Journal of Shanxi Agricultural University(Natural Science Edition), 2025,45(5):41-47.
doi: 10.13842/j.cnki.issn1671-8151.202504008

醉蝶花熏蒸对黄瓜根际土壤真菌多样性的影响

张星哲[1,2],孟祥海[1],徐德海[1],时新瑞[1],张帅[1],王佰成[1],董雪梅[1],王文慧[1],张艳菊[2*]

(1.黑龙江省农业科学院 牡丹江分院,黑龙江 牡丹江 157041;2.东北农业大学 植物保护学院,黑龙江 哈尔滨 150030)

摘　要:[目的]本研究旨在探究醉蝶花熏蒸对接种黄瓜枯萎病菌的黄瓜根际土壤真菌多样性的影响。[方法]本研究对黄瓜根际土壤采用了4种处理(A:对照;B:只接种黄瓜枯萎病菌,未进行任何熏蒸处理;C:接种黄瓜枯萎病菌并采用0.05 g/kg氯化苦进行熏蒸;D:接种黄瓜枯萎病菌并采用6.0 g/kg醉蝶花植株粉碎物进行熏蒸),并以ITS为目标区域进行高通量测序。[结果]在不同样本中,总体丰度较高的菌属有镰刀菌属(*Fusarium*)、被孢霉菌属(*Mortierella*)、克拉克芽孢杆菌属(*Dendrostilbella*)、柄孢壳菌属(*Podospora*)、嗜绿假单胞菌属(*Pseudombrophila*)、裂壳菌属(*Schizothecium*)、链格孢霉属(*Alternaria*)、青霉菌属(*Penicillium*)、曲霉菌属(*Aspergillus*)和单胞瓶霉菌属(*Phialemonium*)。6.0 g/kg醉蝶花粉碎物处理熏蒸降低了镰刀菌属的丰度,提高了被孢霉菌属、克拉克芽孢杆菌属、柄孢壳菌属、嗜绿假单胞菌属和曲霉菌属的丰度。[结论]醉蝶花熏蒸有利于提高黄瓜根际土壤真菌的整体丰富度与多样性。

关键词:醉蝶花; 黄瓜枯萎病菌; 真菌; 根际微生物; 微生物多样性
中图分类号:S511　　**文献标识码**:A　　**文章编号**:1671-8151(2025)05-0041-07

Effects of *Cleome spinosa* fumigation on fungal diversity in cucumber rhizosphere soil

Zhang Xingzhe[1,2], Meng Xianghai[1], Xu Dehai[1], Shi Xinrui[1], Zhang Shuai[1], Wang Baicheng[1], Dong Xuemei[1], Wang Wenhui[1], Zhang Yanju[2*]

(*1.Mudangjiang Branch, Heilongjiang Academy of Agricultural Science, Mudanjiang 157041, China; 2.College of Plant Protection, Northeast Agricultural University, Harbin 150030, China*)

Abstract: [Objective] This study aimed to investigate the effect of C. spinosa fumigation on the fungal diversity in the rhizosphere soil of cucumbers infected with Fusarium oxysporum. [Methods] Four treatments were applied to the cucumber rhizosphere soil: (A) untreated control; (B) inoculation with F. oxysporum only; (C) inoculation with F. oxysporum followed by fumigation with 0.05 g/kg chloropicrin; (D) inoculation with F. oxysporum followed by fumigation using 6.0 g/kg crushed C. spinosa plant material. The fungal communities were analyzed via high-throughput sequencing of the ITS region. [Results] The most abundant fungal genera across all samples were *Fusarium*, *Mortierella*, *Dendrostilbella*, *Podospora*, *Pseudomonas*, *Schizothecium*, *Alternaria*, *Penicillium*, *Aspergillus and Phialemonium*. Fumigation with 6.0 g/kg *C. spinosa* significantly reduced the abundance of *Fusarium*, while increasing the abundances of *Mortierella*, *Bacillus clarkia*, *Corynespora*, *Pseudomonas* and *Aspergillus*. [Conclusion] *C. spinosa* fumigation can enhance the overall richness and diversity of fungi in cucumber rhizosphere soil.

Keywords: *Cleome spinosa*, *Fusarium oxysporum*, Fungi, Rhizosphere microorganism, Microbial diversity

黄瓜枯萎病菌在土壤中存在已久,致病力强,　　防控困难[1]。当前,生物熏蒸已成为一种公认的环

收稿日期:2025-04-03　　**修回日期**:2025-05-27
基金项目:国家自然科学基金资助项目(31171792);2023年度黑龙江省属科研院所科研业务费资助项目(CZKYF2023-1-C006)
作者简介:张星哲(ORCID:0009-0005-8976-8773),博士,副研究员,研究方向:植物保护,E-mail:jxnczxz@163.com
*通信作者:张艳菊(ORCID:0000-0003-3578-7061),博士,教授,E-mail:zhangyanju1968@163.com

境友好型植物病害防控方式[2]。利用生物熏蒸防治植物病虫害可减少化学农药的使用,减少农药残留,减轻对环境的污染,推动农业可持续发展。

土壤微生物对农田生态系统的稳定发展具有重要作用,其多样性不仅反映了群落的稳固性,而且是衡量土壤质量和肥沃程度的关键指标[3]。深入探究这一领域,对于实现土壤的长期可持续利用具有深远意义。

土壤真菌群落参与土壤系统中物质分解和物质循环的全过程[4],对养分循环和转化起着重要作用,在有机质形成和分解中扮演着重要角色[5],在土壤理化性质、生态环境、作物生长等方面具有十分重要的意义。土壤真菌也是除细菌之外的最大土壤微生物类群[6]。土壤中的有益真菌可改善土壤微环境,促进植物生长,也可以减少土壤病虫害。然而,土壤中也存在一些有害真菌,可诱发植物病害,妨碍植物生长发育[7]。

醉蝶花(*Cleome spinosa*)为十字花科草本植物,其生育期为1~2年[8]。醉蝶花不但具备很高的观赏价值,还具有一定的熏蒸特性,可起到抗菌、镇痛、消炎、驱虫等药理作用[9]。种植并深耕具备生物熏蒸特性的植物,可向土壤微生物提供充裕的碳源,从而加强微生物的代谢能力和提高土壤微生物的数量。在将这些具有生物熏蒸效用的植物翻埋入土壤后,它们能显著提升土壤中的腐殖质含量,营造出更适宜土壤微生物生长的环境。因此,土壤微生物的数量不仅会增多,其生物量和代谢活力也将随之增强[10]。

研究醉蝶花熏蒸对黄瓜根际土壤真菌多样性的影响,对于开发新的植物源农药,进而推动病虫害绿色防控、农业可持续发展具有重大的学术价值。然而,关于醉蝶花熏蒸影响植物根际土壤微生物多样性的研究少见报道。

前期研究中,笔者采用不同浓度的醉蝶花对黄瓜根际土壤进行处理,发现6.0 g/kg醉蝶花粉碎物对黄瓜枯萎病的防治效果最好[11]。因此,本试验采用6.0 g/kg醉蝶花粉碎物对黄瓜根际土壤进行熏蒸处理,并采用Illumina HiSeq高通量测序技术鉴定真菌多样性,旨在为今后通过开发植物源农药影响生物多样性的途径防治植物土传病虫害、减少化学农药污染、实现绿色防控提供理论和实践依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

黄瓜枯萎病感病黄瓜品系649,由东北农业大学黄瓜课题组提供。醉蝶花(*Cleome spinosa*)种子购自哈尔滨市花卉市场,在东北农业大学校内实验基地种植,正常栽培管理,取开花期的植株用于后续研究。黄瓜枯萎病菌(*Fusarium oxysporum* f. sp. *cucumarinum*,FOC)由东北农业大学植物病理研究室提供。

1.2 试验方法

试验设4个处理,分别为:A,清水对照,不接种黄瓜枯萎病菌,未进行任何熏蒸处理;B,只接种黄瓜枯萎病菌,未进行任何熏蒸处理;C,接种黄瓜枯萎病菌并采用0.05 g/kg氯化苦进行熏蒸;D,接种黄瓜枯萎病菌后采用6.0 g/kg醉蝶花植株粉碎物进行熏蒸。

具体熏蒸方法为:每钵土壤4 kg充分混匀熏蒸材料,浇足水分,覆盖薄膜,14 d后揭膜、深翻,充分透气散湿后播种黄瓜。在黄瓜收获期,不同处理组随机选择5株取根际土壤混合均匀,重复3次。将土壤放在50 mL离心管中,液氮速冻后置于-80 ℃冰箱内保存,用于后续的DNA提取和微生物多样性分析。

1.3 项目测定

土壤样品DNA的提取方法为CTAB法,具体步骤为:

(1)准确称量土壤样品5 g,将其放在50 mL离心管内,加2%的CTAB(pH 8.0)提取液1.5 mL,然后加入浓度为20 mg/mL的蛋白酶K 50 μL,放在恒温摇床上,转速设置为150~180 r/min,温度设置为37 ℃,振荡1 h;

(2)加1.5 mL 20%SDS,混匀,65 ℃水浴加热45 min,每20 min混匀1次;

(3)常温下,6000 r/min离心10 min,将上清液转移到新的50 mL离心管之中;

(4)加等体积酚:氯仿:异戊醇(25:24:1),轻颠2~3 min混匀,4 ℃,12 000 r/min离心10 min,取上清至新的50 mL离心管;

(5)加入加等体积异丙醇,轻轻混匀,在室温环境中静置60 min;

(6)4 ℃,12 000 r/min离心15 min,倒掉上清液,把离心管倒放在卫生纸上排干残液;

(7)注入300～500 μL 70%乙醇洗涤,封盖,轻旋离心管使乙醇接触管壁,后12 000 r/min离心3 min;

(8)吸干乙醇,37 ℃烘干;

(9)加入200～300 μL TE,所得溶液即为DNA粗提液。

采用琼脂糖凝胶电泳检测DNA的纯度,估算其浓度。在离心管中加入适量的样本,并使用灭菌蒸馏水将其调至浓度为1 ng/μL。

以土壤总DNA为模板,对ITS rRNA基因的区域进行PCR扩增。添加样本特异性Barcode序列,进而对rRNA基因可变区(单个或连续的多个)或特定基因片段进行PCR扩增,扩增产物使用磁珠纯化回收。将回收产物进行荧光定量,根据荧光定量结果,按照每个样本的测序量需求,将各样本按相应比例进行混合,选取TruSeq® DNA PCR-Free Sample Preparation Kit试剂盒进行建库,之后借助Qubit和qPCR手段对文库进行定量检测。在确认文库达到预设要求后,选定Hiseq2500 PE250模式实施上机测序。

1.4　数据分析

数据优化:利用Barcode和PCR引物信息,分类处理所得数据,移除Barcode脚本和引物序列,用于PE Reads拼接。

PE Reads拼接:用FLASH(V1.2.7)拼接各样本reads数据,得出Raw Tags。

Tags过滤:对Raw Tags进行严格过滤[12-13],得到Clean Tags。再依据Qiime(V1.7.0)[14-15]的质量控制步骤进行后续处理。

(1)Tags截取:截断连续低质量Raw Tags(质量阈值≤19,长度≥3)的首个低质量碱基位点;

(2)Tags长度过滤:将所截取的Tags进行汇总,构建成一个完整的数据集合,然后剔除那些连续高质量碱基占比不足75%的Tags;

(3)Tags去嵌合体序列:将筛选后的Tags与Gold数据库进行对比分析,以识别和移除嵌合体序列,最终获取有效的Tags,即Effective Tags;

(4)使用DADA2分析后产生的每个序列称为特征或ASVs(amplicon sequence variants),这些序列在样本中的丰度表称为特征表(对应于OTU),得到特征表后使用QI-IME220.3软件过滤低丰度ASVs后将所有样本以最小序列条数抽平。

2　结果与分析

2.1　样本数据统计

A(对照)处理的样本序列条数范围在51 526～59 098,平均序列条数为55 844,优化后的碱基数范围在12 249 510～13 958 666,平均碱基数为13 289 881,数据优化后的序列平均长度范围在236.2～240.1,总体平均长度为237.9(表1)。B(只接种病菌)处理的样本序列条数为31 825～52 243,平均序列条数为41 703,优化后的碱基数为7 630 304～12 307 993,平均碱基数为9 939 606,数据优化后的序列平均长度为235.6～240.7,总体平均长度为238.7。C(氯化苦熏蒸+接种病菌)处理的样本序列条数为33 895～40 893,平均序列条数为37 618,优化后的碱基数为8 021 297～9 723 029,平均碱基数为8 903 800,数据优化后的平均序列长度为235.6～237.8,总体平均长度为236.7。D(醉蝶花粉碎物熏蒸+接种病菌)处理的样本序列条数为37 233～57 381,平均序列条数为48 545,优化后的碱基数为8 421 571～13 018 234,平均碱基数为11 003 797,数据优化后的平均序列长度为226.2～226.9,总体平均序列长度为226.6。

2.2　物种注释结果统计

每个样品在各个分类水平上种类数目如图1

表1　样本序列统计

Table 1　Statistics of trimed sample sequences

样品名称 Sample	序列条数 Sequences	碱基数目/bp Bases	序列平均长度/bp Average length
A1	56 908	13 661 466	240.1
A2	51 526	12 249 510	237.7
A3	59 098	13 958 666	236.2
B1	31 825	7 630 304	239.8
B2	41 043	9 880 522	240.7
B3	52 243	12 307 993	235.6
C1	38 066	8 967 074	235.6
C2	40 893	9 723 029	237.8
C3	33 895	8 021 297	236.7
D1	51 021	11 571 585	226.8
D2	37 233	8 421 571	226.2
D3	57 381	13 018 234	226.9

注:A:对照,B:黄瓜枯萎病菌处理,C:黄瓜枯萎病菌+氯化苦处理,D:黄瓜枯萎病菌+6 g/kg醉蝶花粉碎物处理,下同

Note: A: control, B: cucumber wilt pathogen treatment, C: cucumber wilt pathogen + chloropicrin treatments, D: cucumber wilt pathogen + 6 g/kg *C. spinosa* treatments. The same as below.

所示。由图1可以看出,在门、科和属水平上获得的种类数目较多,因此将分别从门、科和属水平进行分析。

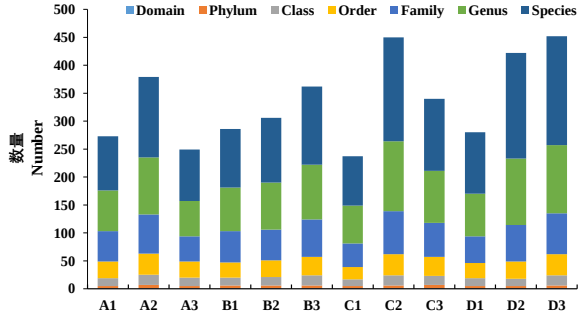

图1 各样品的OTUs聚类和注释情况统计

Fig. 1 Statistics of OUT clustering and annotation for each sample

2.3 不同分类水平各样品的真菌丰度

2.3.1 门水平各样品的真菌丰度

从图2可以看出,子囊菌门(Ascomycota)、被孢霉门(Mucoromycota)和担子菌门(Basidiomycota)占比最高。子囊菌门在A(对照)、B(只接种病菌)、C(氯化苦熏蒸+接种病菌)和D(醉蝶花粉碎物熏蒸+接种病菌)样品中的占比分别为6.5%、55.1%、55.1%和89.3%;被孢霉门占比分别为27.7%、34.6%、34.0%和8.1%;担子菌门占比分别为2.6%、2.8%、2.9%和0.6%;未分类的真菌门类占比分别为6.1%、7.4%、7.7%和2.0%。

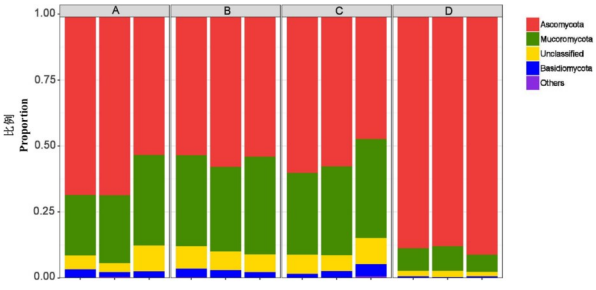

图2 主要真菌门类占比

Fig. 2 Relative abundance of major fungi phyla

2.3.2 科水平各样品的真菌丰度

不同处理对科水平上真菌丰度的影响见图3。4个处理中总体丰度排名前十的菌科依次为曲霉科(Aspergillaceae)、毛壳菌科(Chaetomiaceae)、头孢科(Cephalothecaceae)、皮盘菌科(Dermateaceae)、枝孢科(Cladosporiaceae)、牛肝菌科(Bolbitiaceae)、隐球菌科(Cryptococcaceae)、丝膜菌科(Cortinariaceae)、粪盘菌科(Ascobolaceae)和伏革菌科(Corticiaceae)。曲霉科、皮盘菌科、皮盘菌科和隐球菌科在A(对照)处理样品中丰度最高;毛壳菌科和伏革菌科在B(只接种病菌)处理样品中丰度最高;头孢科、枝孢科、牛肝菌科和粪盘菌科在C(氯化苦熏蒸+接种病菌)处理样品中丰度最高;这10个菌科在D(醉蝶花粉碎物熏蒸+接种病菌)处理中丰度均比较低,可见,醉蝶花粉碎物熏蒸处理可降低土壤中这10种真菌科类的丰度。

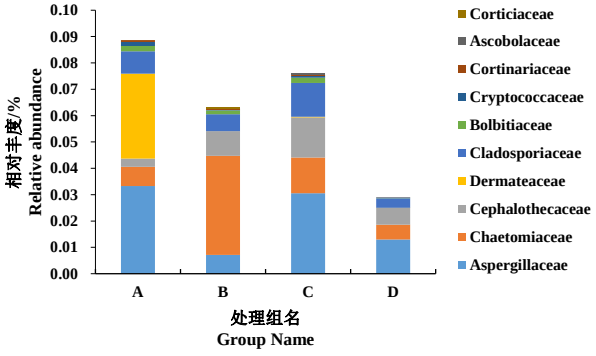

图3 科水平上的物种相对丰度柱形图

Fig.3 Relative abundance bar plot of the fungal communities at the family level

2.3.3 属水平各样品的真菌丰度

不同处理对属水平上真菌丰度的影响见图4。4个处理中总体丰度较高的菌属有镰刀菌属(*Fusarium*)、被孢霉菌属(*Mortierella*)、克拉克芽孢杆菌属(*Dendrostilbella*)、柄孢壳菌属(*Podospora*)、嗜绿假单胞菌属(*Pseudombrophila*)、裂壳菌属(*Schizothecium*)、链格孢属(*Alternaria*)、青霉属(*Penicillium*)、曲霉属(*Aspergillus*)和单胞瓶霉菌属(*Phialemonium*)。其中,镰刀菌属在B处理样品丰度最高,被孢霉菌属、克拉克芽孢杆菌属、柄孢壳菌属、嗜绿假单胞菌属和曲霉菌属在B处理样品丰度最低。醉蝶花粉碎物熏蒸处理可以降低镰刀菌属的丰度,提高被孢霉菌属、克拉克芽孢杆菌属、柄孢壳菌属、嗜绿假单胞菌属和曲霉菌属的丰度。

2.4 物种构成分析

2.4.1 OTU分布Venn图

Venn图能够显示不同样品间共有或特有的OTU数量,在一定程度上可直观反映环境样品内

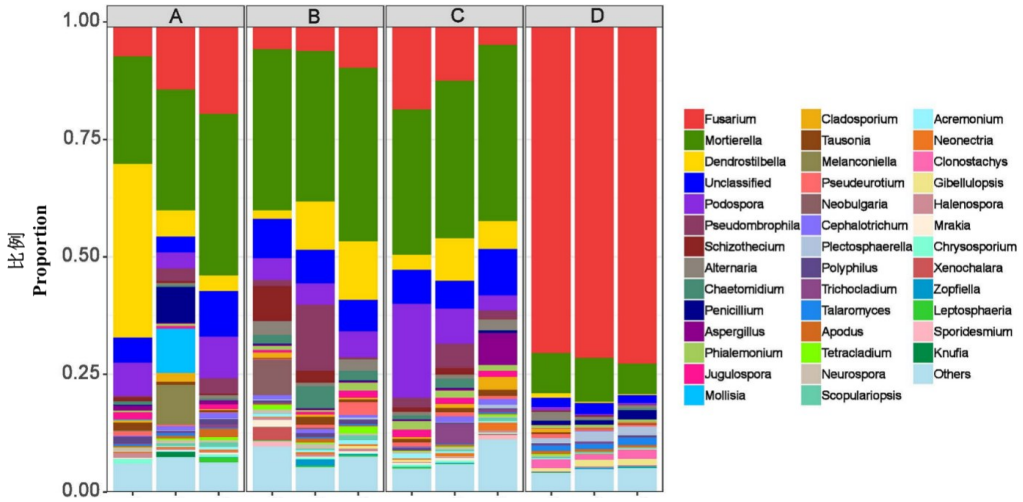

图4　属水平上的物种相对丰度柱形图

Fig. 4　Relative abundance bar plot of the fungal communities at the genus level

OTU数目所形成的相似性和重叠性(图5)。82、106、150和121个OTU数目分别是A(对照)、B(只接种病菌)、C(氯化苦熏蒸+接种病菌)和D(醉蝶花粉碎物熏蒸+接种病菌)处理样本所特有的,而150个OUT是A、B、C和D4个处理样本所共有的。该结果说明,4个处理间存在共有的真菌种群,同时每个处理下又有其特异的种群。

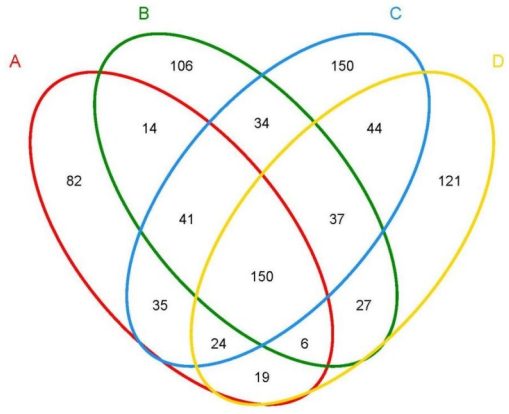

图5　OUT分布Venn图

Fig. 5　Venn diagram of OTU distribution

2.4.2　样品群落热图(Heatmap)

Heatmap是利用颜色的改变情况对二维矩阵或是表格里数据资料进行反馈,可直观有效地将各数据值高低用深浅颜色表征。大部分情况下,需要结合实际需求对数据进行物种或样本间丰度相似性聚类分析,获得聚类数据制成热图,将物种丰度按高低进行分块聚集,在不同分类水平上,不同样本群落组成的相似性和差异性能够由热图颜色梯度与相似程度来反映。

由图6可以看出,相对丰度最高的3类物种是孢菌(*Fusarium*)、被孢霉菌(*Mortierella*)和石竹菌(*Dendrostilbella*),其次是柄孢壳菌(*Podospora*)、假膜毛菌(*Pseudombrophila*)、分裂囊菌(*Schizothecium*)、链格孢菌(*Alternaria*)和毛中位菌(*Chaetomidium*)。整体上看,B(只接种病菌)和D(醉蝶花粉碎物熏蒸+接种病菌)处理的微生物群落丰度大于A(对照)和C(氯化苦熏蒸+接种病菌)处理,尤其以D处理微生物群落丰度最高。这表明醉蝶花熏蒸可以提高黄瓜根际土壤的真菌多样性。

3　讨论

土壤微生物作为评价土壤的重要生物学指标[15],在农田生态系统中有着很重要的作用,土壤微生物多样性丰富有利于维持土壤生态系统的稳定。生物熏蒸能够有效抑制或杀死土壤中积累的有害生物,从而达到防治土传病害、改善作物生长的目的。金蕊等[16]研究表明,油菜生物熏蒸结合麦麸处理能够改善菊花连作土壤理化性状并增加土壤微生物数量及养分含量,降低土壤中尖孢镰刀菌数量,从而有效促进菊花生长及优质高产。然而关于醉蝶花熏蒸处理对农作物根际土壤真菌的多样性未见报道。本研究中,醉蝶花熏蒸处理下黄瓜根际土壤真菌总体丰度高于氯化苦处理,可能是由于醉蝶花为一部分土壤真菌提供了更多

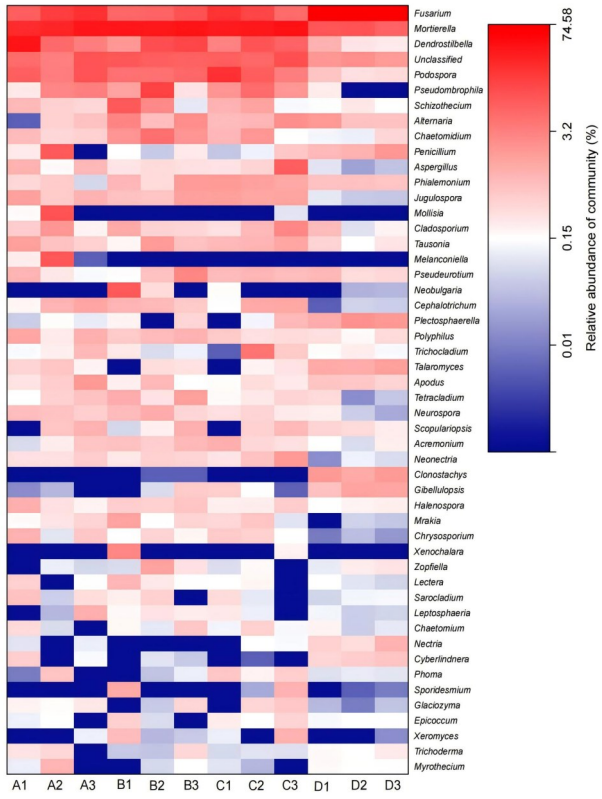

图6 微生物群落热图分析

Fig. 6 Heatmap analysis of microbial communities

的有机质分解来源,也说明醉蝶花同传统化学农药相比,可以更好维持土壤微生物多样性。此外,曲霉科(*Aspergillaceae*)、毛壳菌科(*Chaetomiaceae*)、头孢科(*Cephalothecaceae*)、皮盘菌科(*Dermateaceae*)、枝孢科(*Cladosporiaceae*)、牛肝菌科(*Bolbitiaceae*)、隐球菌科(*Cryptococcaceae*)、丝膜菌科(*Cortinariaceae*)、粪盘菌科(*Ascobolaceae*)和伏革菌科(*Corticiaceae*)的总体丰度最高,说明这10个菌科在黄瓜根际土壤中占主导地位。

植物根际作为一个多元化的交互场所,融合了土壤元素、植物根系和众多微生物种群。此区域内,植物根部与有益微生物间的紧密联系对于保持植物的生命活力和土壤的丰饶程度具有举足轻重的影响[17]。植物促生菌是功能性有益菌,对非生物逆境有强抗性,可促进植物根部生长,提升土壤养分利用率,并优化土壤微生态环境。它们在土壤养分转化与土壤构造中扮演重要角色,有助于植物在逆境中生长[18]。其中多数芽孢杆菌能够产生植物激素,提高植物对病原微生物侵染、盐碱、重金属和干旱等恶劣条件下的耐受性[19]。本试验中,醉蝶花粉碎物熏蒸处理提高了黄瓜根际土壤中克拉克芽孢杆菌属的丰度,说明醉蝶花可能通过增加植物促生菌的比重增强黄瓜对枯萎病菌侵染的耐受性。镰刀菌属真菌可引起多种作物的枯萎病或者黄萎病,黄瓜枯萎病菌也是镰刀菌属真菌的一种。本研究中,在6.0 g/kg醉蝶花粉碎物熏蒸处理下的镰刀菌属的相对丰度明显低于其他处理,也说明了醉蝶花可能通过各种方式对黄瓜枯萎病的致病菌产生抑制作用。

4 结论

醉蝶花粉碎物熏蒸处理有利于提高农田土壤真菌的整体丰富度与多样性,尤其可以提高克拉克芽孢杆菌属等促生真菌的丰度,降低黄瓜枯萎病菌等有害真菌的丰度,改善土壤肥力,为农田作物生长提供充分的养分,有利于保持农田土壤生态系统的健康。

参 考 文 献

[1]Li R, Shen Z Z, Sun L, et al. Novel soil fumigation method for suppressing cucumber *Fusarium* wilt disease associated with soil microflora alterations[J]. Applied Soil Ecology, 2016, 101: 28-36.

[2]Guo H C, Zhao X, Rosskopf E N, et al. Impacts of anaerobic soil disinfestation and chemical fumigation on soil microbial communities in field tomato production system[J]. Applied Soil Ecology, 2018, 126: 165-173.

[3]Meng L Y, Yoshida N, Li Z L. Soil microorganisms facilitated the electrode-driven trichloroethene dechlorination to ethene by *Dehalococcoides* species in a bioelectrochemical system[J]. Environmental Research, 2022, 209: 112801.

[4]Liu Z H, Chen R R, Wang J H, et al. Long-term moderate carbon input benefited arbuscular mycorrhizal fungal community diversity and vitality in a sandy loam soil[J]. Ecological Indicators, 2022, 136: 108679.

[5]Marangi M J, Temperini C V, Greco M, et al. Distribution of *Xanthomonas arboricola* pv. *juglandis* and *Alternaria* species-groups populations associated with brown apical necrosis at different phenological stages of walnut trees[J]. European Journal of Plant Pathology, 2024, 168(1): 83-95.

[6]Wang G J, Wang X, Yang Z J, et al. Effects of *Fusarium solani* on the growth and development of *Anoplophora glabripennis* larvae[J]. Microbial Ecology, 2023, 87: 23.

[7]Demilie W B. Plant disease detection and classification techniques: a comparative study of the performances[J]. Journal of Big Data, 2024, 11(1): 5.

[8]Coutinho H M, dos Santos F M, Almeida Bezerra J, et al. Polyphenolic composition, antibacterial, modulator and

neuroprotective activity of *Tarenaya* spinosa (Jacq.) Raf. (Cleomaceae) [J]. Asian Pacific Journal of Tropical Biomedicine,2019,9(1):12.

[9]赵星. 醉蝶花茎叶粉碎物对葡萄灰霉病的抑制作用[J]. 种子科技,2021,39(14):25-26,113.
Zhao X. Inhibitory effect of pulverized stems and leaves of *Buddleja* on *Botrytis cinerea*[J]. Seed Science & Technology, 2021,39(14):25-26,113.

[10]南镇武,刘柱,代红翠,等. 不同轮作休耕下潮土细菌群落结构特征[J]. 环境科学,2021,42(10):4977-4987.
Nan Z W, Liu Z, Dai H C, et al. Characteristics of bacterial community structure in fluvo-aquic soil under different rotation fallow[J]. Environmental Science,2021,42(10):4977-4987.

[11]Zhang X Z, Meng X H, Jiao X D, et al. Preventive effect of *Cleome* spinosa against cucumber *Fusarium* wilt and improvement on cucumber growth and physiology [J]. 3 Biotech,2024,14(4):97.

[12]Ho A, Lüke C, Frenzel P. Recovery of methanotrophs from disturbance:population dynamics,evenness and functioning[J]. The ISME Journal,2011,5(4):750-758.

[13]裴广廷,李夏,贺同鑫,等. 广西喀斯特石漠化区不同植被恢复模式下土壤微生物多样性与群落结构特征及驱动因素分析[J]. 地理科学,2024,44(9):1630-1642.
Pei G T, Li X, He T X, et al. Characteristics of soil microbial diversity and community structure under different revegetation types in karst rocky desertification areas and analysis of driving factors[J]. Scientia Geographica Sinica, 2024, 44(9): 1630-1642.

[14]Gao G P, Yin D H, Chen S J, et al. Effect of biocontrol agent *Pseudomonas fluorescens* 2P24 on soil fungal community in cucumber rhizosphere using T-RFLP and DGGE[J]. PLoS One,2012,7(2):e31806.

[15]雷海英,赵青松,杨潇,等. 苦参根际高效固氮菌的分离及复合菌肥对幼苗的促生效应[J]. 生物技术通报,2020,36(9):157-166.
Lei H Y, Zhao Q S, Yang X, et al. Isolation of efficient nitrogen-fixing bacteria from the rhizosphere of *Sophora flavescens* and the growth-promoting effect of compound microbial fertilizer on seedlings[J]. Biotechnology Bulletin, 2020,36(9):157-166.

[16]金蕊, 许建平, 楚芯可, 等. 生物熏蒸结合强还原土壤灭菌法对菊花生长及连作土壤的影响[J]. 核农学报, 2024, 38(8): 1575-1584.
Jin R, Xu J P, Chu X K, et al. Effects of biofumigation combined with reductive soil disinfestation on *Chrysanthemum* growth and continuous cropping soil [J]. Journal of Nuclear Agricultural Sciences, 2024, 38(8): 1575-1584.

[17]Sarkar J, Chakraborty B, Chakraborty U. Plant growth promoting rhizobacteria protect wheat plants against temperature stress through antioxidant signalling and reducing chloroplast and membrane injury[J]. Journal of Plant Growth Regulation,2018,37(4):1396-1412.

[18]Jayamohan N S, Patil S V, Kumudini B S. Seed priming with *Pseudomonas putida* isolated from rhizosphere triggers innate resistance against *Fusarium* wilt in tomato through pathogenesis-related protein activation and phenylpropanoid pathway[J]. Pedosphere,2020,30(5):651-660.

[19]Plett J M, Plett K L, Wong-Bajracharya J, et al. Mycorrhizal effector PaMiSSP10b alters polyamine biosynthesis in *Eucalyptus* root cells and promotes root colonization[J]. New Phytologist,2020,228(2):712-727.

(编辑:吕俊俐)