

引用:张天丞,宫宇飞,刘家呈,等. 不同生长状态下国槐根际微生物群落结构的差异性研究[J]. 聊城大学学报(自然科学版),2025,38(4):606-614.

Citation:ZHANG Tiancheng, GONG Yufei, LIU Jiacheng, ZHANG Wenfei, CHANG Jing, SUI Junkang, HUA Xuewen. Investigation of the differences in rhizosphere microbial community across diverse growth states of *Sophora japonica*[J]. Journal of Liaocheng University (Natural Science Edition),2025,38(4):606-614.

文章编号 1672-6634(2025)04-0606-09

DOI 10.19728/j.issn1672-6634.2024120014

不同生长状态下国槐根际微生物群落结构的差异性研究

张天丞,宫宇飞,刘家呈,张文斐,常静,隋君康,华学文

(聊城大学 农业与生物学院,山东 聊城 252059)

摘要 针对近年来聊城市行道树国槐死亡率激增的现象,通过分析不同生长状态的国槐根际土壤理化性质和微生物群落结构,揭示了国槐生长状态与土壤环境之间的关联性。结果表明,不同生长状态的国槐的根际土壤中有机质、总氮、总磷和全钾含量处于中高水平,速效钾含量丰富,但水溶性氮和有效磷含量处于中低水平。相较于生长势弱和健康生长的国槐,主干已死亡的国槐的根际土壤展现出更高的细菌物种多样性,而真菌物种多样性则相对较低。在死亡的国槐的根际土壤中,腐生性的 *Agaricus* 属、寄生植物的 *Peziza* 属和引起根腐病的 *Fusarium* 属真菌的物种丰度较高。相对而言,在健康生长的国槐的根际土壤中,生物刺激素类真菌 *Mortierella* 属具有较高的物种丰度。研究结果将为国槐的栽培与管理提供科学依据。

关键词 国槐;根际土壤;土壤理化性质;微生物群落;物种多样性

中图分类号 S792.26,S714.3

文献标志码 A

开放科学(资源服务)标识码(OSID)



Investigation of the differences in rhizosphere microbial community across diverse growth states of *sophora japonica*

ZHANG Tiancheng, GONG Yufei, LIU Jiacheng, ZHANG Wenfei,
CHANG Jing, SUI Junkang, HUA Xuewen

(School of Agriculture and Biology, Liaocheng University, Liaocheng 252059, China)

Abstract With regard to the recent surge of mortality rate of ornamental *Sophora japonica*s planted in Liaocheng city, the soil physiochemical properties and microbial community composition in rhizosphere soils of *S. japonica* were analyzed, thereby revealing the correlation between the growth status of *S. japonica* and the soil environment. The results showed that all the rhizosphere soil samples across diverse growth states of *S. japonica* contained medium to high levels of organic substances, total nitrogen, total phosphorus, and total potassium, with a notable abundance of available potassium. Conversely, water-soluble

收稿日期:2024-12-25

基金项目:国家自然科学基金项目(32001929)资助

通信作者:华学文,男,汉族,博士,副教授,研究方向:农业病害绿色防控,E-mail:huaxuewen906@163.com。

nitrogen and available phosphorus were at medium to low levels. In terms of microbial communities, the rhizosphere soil of dead *S. japonica* possessed significantly higher bacterial species diversity and richness but lower fungal species diversity and richness in comparison with those of weakened and healthy growing *S. japonica*. Additionally, the rhizosphere soil of dead *S. japonica* exhibited greater relative abundances of saprophytic genera, such as *Agaricus* and *Peziza*, as well as *Fusarium* responsible for root rot. In contrast, the rhizosphere soil of healthy *S. japonica* showed stronger presence of the bio-stimulating fungus *Mortierella* genera. The research results are expected to provide important theoretical guidance for the cultivation and management of *Sophora japonica*.

Keywords *Sophora japonica*; rhizosphere soil; soil physiochemical property; microbial community; species diversity

0 引言

国槐(*Sophora japonica*)是中国的本土树种,拥有3 000多年的栽培历史,在历朝历代的园林设计中具有广泛的应用,承载着丰富的历史和文化意义^[1]。国槐的花期一般为6月至7月,花色呈现淡黄色、白色或红色。作为一种重要的蜜源植物,国槐生长迅速,而且环境适应性强^[2]。国槐在中国分布广泛,特别是北方的黄河流域和江淮地区。由于其独特的观赏价值、生态价值和经济价值,它已成为城市绿化的首选树种^[3]。然而,近年来,国槐的病害发病率显著增加,包括溃疡病、白粉病和根腐病等^[3-5]。特别是根腐病,这种土传病害主要由镰刀菌属(*Fusarium*)和腐霉菌属(*Pythium*)等病原真菌引起,严重威胁国槐幼苗和健康成株的存活率^[6-8]。

近年来,山东省聊城市城市绿化带种植的树龄近15年的国槐的死亡率明显增加,主要表现出叶黄、枝枯和根系腐烂等症状。根际土壤作为植物生长的关键介质,对植物的发育起着举足轻重的作用。它不仅是植物营养元素的来源,而且栖息着促进植物生长的微生物菌群^[9-12]。研究表明,根际土壤微生物群落与植物健康密切相关,其失衡可能导致病原微生物的激增,从而加剧土传病害的发生^[13-16]。然而,国槐的死亡可能由多种因素共同作用导致,包括土壤理化性质、病原菌感染、环境胁迫等。因此,本研究通过对不同生长状态的国槐根际土壤理化性质和微生物群落进行分析,旨在揭示国槐生长状态与土壤环境之间的关联性,为国槐的栽培与管理提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 根际土壤样品的采集与处理

国槐根际土壤样品采集自山东省聊城市东昌府区东昌路两侧,采样点分别为主干已死亡的国槐(SA),坐标为北纬36°46′、东经115°96′;生长势衰弱的国槐(SB),坐标为北纬36°46′、东经116°01′;健康生长的国槐(C),坐标为北纬36°46′、东经115°98′。所选取的国槐树龄为15年,在采集根际土壤时先清除土壤表层的杂草、落叶等,再用无菌铲挖掘至30~40 cm深度,清除国槐根部周围的土壤,并收集紧贴根系的土壤,每种生长状态的国槐的根际土壤重复取样3次。将收集的根际土壤样品装入无菌塑料袋中,置于预先装有冰块的采样箱中,运至实验室,经0.42 mm筛网过筛,用于土壤理化性质和微生物群落分析。

1.2 根际土壤理化性质测定

土壤有机质含量通过高温重铬酸钾容量法测定^[17]。pH值使用雷磁PHS-3C pH计测定,土壤与水的比例为1:2.5^[18]。全氮含量采用凯氏定氮法测定,水溶性氮含量通过NaOH碱解扩散法测定^[19]。全磷含量通过NaOH熔融,利用钼锑抗比色法测定;有效磷含量通过NaHCO₃浸提,利用紫外分光光度计测定^[20-21]。全钾含量通过NaOH熔融,在Agilent Technologies 5110 ICP-OES上采用火焰光度计法测定;速效钾含量通过NH₄OAc浸提,利用火焰光度计测定^[22-26]。

1.3 根际土壤微生物的高通量测序

根际土壤微生物的高通量测序基于Illumina NovaSeq测序平台,采用双末端测序(Paired-End)的方法

构建小片段文库进行测序。首先,采用 DNA 提取试剂盒提取根际土壤微生物的总 DNA,利用 NanoDrop 微量分光光度计检测纯度。以土壤 DNA 为模板,使用引物 F: 5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCA-3'和 R: 5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3'扩增细菌 16S rDNA 的 V3-V4 区域,使用引物 F: 5'-CTTGGT-CATTTAGAGGAAGTAA-3'和 R: 5'-GCTGCGTTCTTCATCGATGC-3'扩增真菌 rDNA 的 ITS 区域。PCR 扩增产物经纯化、定量和均一化形成测序文库,经质检合格后进行 Illumina NovaSeq 6000 测序。采用 Trimmomatic v0.33 软件对测序得到的 raw reads 进行过滤,采用 cutadapt 1.9.1 软件对引物序列进行识别和去除,得到 clean reads,使用 QIIME2 20120.6 中的 dada2 方法进行去噪,得到扩增子序列变体。通过物种注释和丰度分析,揭示根际土壤样品的微生物组成。通过 Alpha 多样性分析、Beta 多样性分析、显著物种差异分析等,挖掘样本间的差异。组间样本 LEfSe 分析从门到属水平进行,LDA 值阈值大于 4^[27-29]。

2 结果与讨论

2.1 不同生长状态的国槐的根际土壤理化性质

为了评估国槐的生长状态与土壤养分之间的关联性,测定了 3 种不同生长状态下的国槐的根际土壤理化性质。根据《全国第二次土壤普查暂行技术规程》规定的土壤养分分级标准(表 1)^[30-31],3 种国槐根际土壤的 pH 值分别为 8.40、7.68 和 8.58,表明聊城市东昌府区东昌路两侧行道树国槐所生长的土壤均属于碱性土壤(表 2)。此外,3 种根际土壤样品的有机质含量处于中高水平,其中,SB 样品的有机质含量最高,达到 29.4 g/kg。3 种根际土壤中总氮含量也处于中高水平,SB 样品的总氮含量达到 1.40 g/kg;总磷和全钾含量处于高水平。相对而言,SA 和 C 样品中的水溶性氮含量偏低,分别为 55 mg/kg 和 45 mg/kg;C 样品中有效磷含量偏低,为 3.9 mg/kg;然而,C 样品中速效钾含量丰富,达到 455 mg/kg。

表 1 土壤 pH 值及土壤养分分级标准

Tab. 1 Soil pH values and soil nutrient classification criteria

等级	pH 值	级别	丰缺	OC /(g·kg ⁻¹)	TN /(g·kg ⁻¹)	TP /(g·kg ⁻¹)	TK /(g·kg ⁻¹)	WSN /(mg·kg ⁻¹)	AP /(mg·kg ⁻¹)	AK /(mg·kg ⁻¹)
强碱性	>8.5	1 级	极高	>40	>2	>1	>25	>150	>40	>200
碱性	7.5~8.5	2 级	很高	30~40	1.5~2	0.8~1	20~25	120~150	20~40	150~200
中性	6.5~7.5	3 级	高	20~30	1~1.5	0.6~0.8	15~20	90~120	10~20	100~150
微酸性	5.5~6.5	4 级	中	10~20	0.75~1	0.4~0.6	10~15	60~90	5~10	50~100
酸性	4.5~5.5	5 级	低	6~10	0.5~0.75	0.2~0.4	5~10	30~60	3~5	30~50
强酸性	<4.5	6 级	很低	<6	<0.5	<0.2	<5	<30	<3	<30

注:OC,有机质含量;TN,总氮;TP,总磷;TK,全钾;WSN,水溶性氮;AP,有效磷;AK,速效钾。

表 2 3 种不同生长状态的国槐的根际土壤理化性质

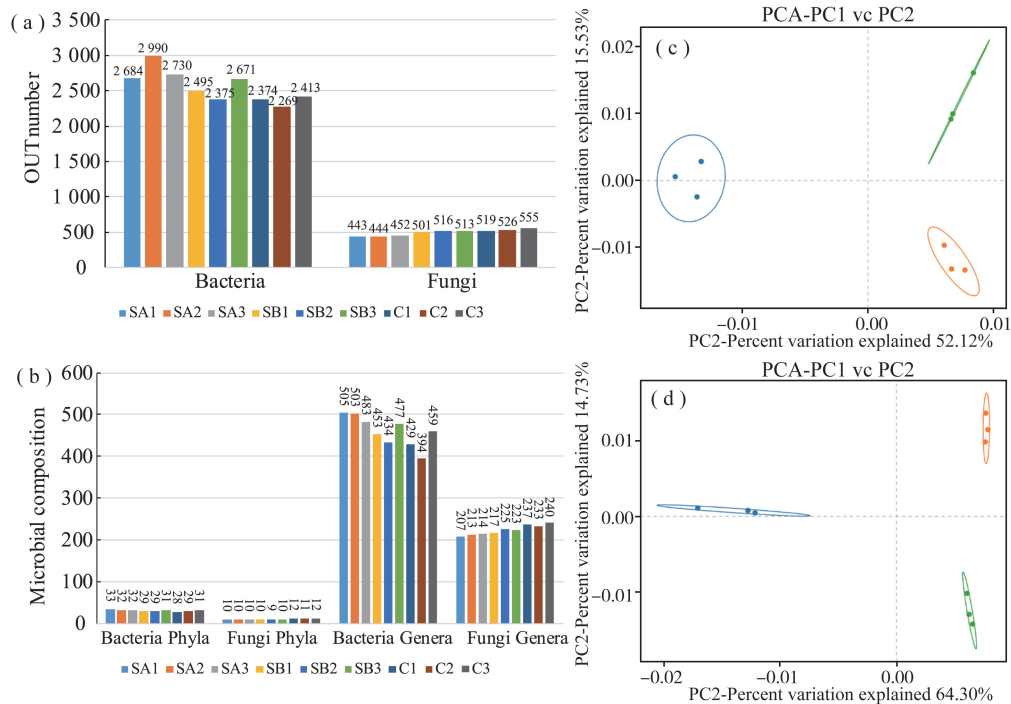
Tab. 2 Physicochemical properties of rhizosphere soils of *S. japonica* in three different growth states

Samples	pH	OC /(g·kg ⁻¹)	TN /(g·kg ⁻¹)	TP /(g·kg ⁻¹)	TK /(g·kg ⁻¹)	WSN /(mg·kg ⁻¹)	AP /(mg·kg ⁻¹)	AK /(mg·kg ⁻¹)
SA	8.40	16.1	0.856	0.745	19.58	55	5.3	193
SB	7.68	29.4	1.401	0.718	19.03	72	5.3	200
C	8.58	15.0	0.835	0.734	19.83	45	3.9	455

2.2 3 种国槐根际土壤的微生物物种丰富度和多样性评估

2.2.1 细菌、真菌高通量测序结果及测序深度分析。通过高通量测序技术,在 3 种不同生长状态的国槐的根际土壤样品中,共筛选得到细菌有效序列 391 052 条,经过聚类分析,鉴定出 18 208 个操作分类单元(OTU),涵盖 39 个细菌门和 880 个细菌属。同时,真菌有效序列达 537 957 条,聚类分析后得到 1 943 个 OUT,涵盖 13 个真菌门和 370 个真菌属[图 1(a, b)]。主成分分析表明,3 种国槐根际土壤样品的 3 次重复之间的微生物物种组成相似[图 1(c, d)]。通过稀释性曲线和香农指数曲线分析,确认测序数据量充分,足

以支持对微生物物种多样性的深入分析。

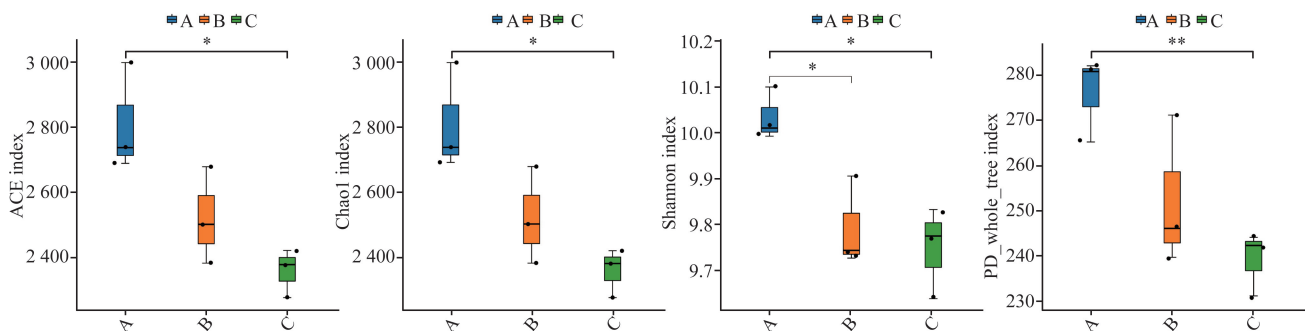


注:(a) 细菌和真菌的 OTU 数量;(b) 微生物物种组成;细菌(c), 真菌(d) PCA 分析。

图 1 3 种不同生长状态的国槐根际土壤样品中细菌和真菌的 OTU 数量,微生物物种组成和 PCA 分析

Fig. 1 OUT number of bacteria and fungi, microbial species composition, and PCA analysis in the rhizosphere soils of *S. japonica* with three different growth states

2.2.2 根际土壤微生物 Alpha 多样性分析。Alpha 多样性指数可以反映单个样品内微生物物种的丰富度和多样性,包括 ACE 指数、Chao1 指数、PD-whole-tree 指数、Shannon 指数等。对于细菌 OTU,SA 根际土壤样品的 ACE 和 Chao1 指数均高于 SB 和 C 样品,表明 SA 样品的细菌物种丰富度优于 SB 和 C 样品(图 2)。此外,SA 样品的 PD-whole-tree 和 Shannon 指数也高于 SB 和 C 样品,表明 SA 样品的细菌物种多样性较高。对于真菌 OTU,物种丰富度和多样性表现出与细菌相反的结果。SA 样品的 ACE、Chao1、PD-whole-tree 和 Shannon 指数均显著低于 SB 和 C 样品,说明在 SA 样品中的真菌物种多样性均较低(图 3)。总体而言,相较于 SB 和 C 样品,主干已死亡的国槐 SA 根际土壤样品显示出了更高的细菌物种多样性,但真菌物种多样性则相对较低。



注:(A: SA, B: SB, C: C)。* 表示差异具有统计学意义($P < 0.05$), ** 表示差异显著($P < 0.01$), *** 表示差异极显著($P < 0.001$)。

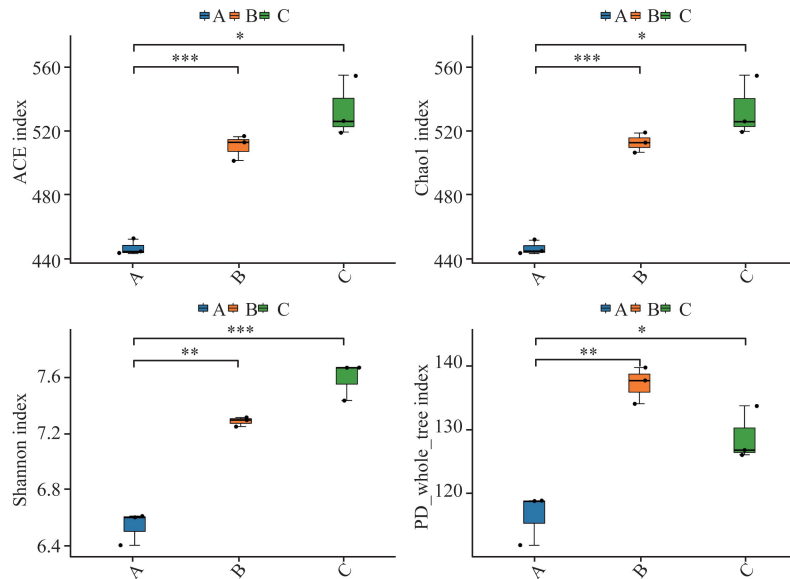
图 2 3 种不同生长状态的国槐的根际土壤中细菌的 Alpha 多样性指数

Fig. 2 Alpha diversity index of bacteria in the rhizosphere soils of *S. japonica* across three different growth states

2.3 3 种不同生长状态的国槐的根际土壤微生物群落结构

2.3.1 国槐根际土壤细菌群落结构。通过对特征序列进行分类学注释以及聚类分析,发现 3 种国槐根际土

壤样品中相对丰度排名前 10 的细菌物种门类呈现出一致性(图 4,a)。例如,变形菌门(Proteobacteria)和酸杆菌门(Acidobacteriota)在 3 种根际土壤样品中均为绝对优势菌门,它们在 SA 样品中的相对丰度分别为 30.55%和 18.49%,在 SB 样品中分别为 33.94%和 22.85%,在 C 样品中分别为 35.83%和 21.93%。此外,放线菌门(Actinobacteriota)、芽单胞菌门(Gemmatimonadota)、拟杆菌门(Bacteroidota)和绿弯菌门(Chloroflexi)也是较为优势的门类(图 4,a)。在属分类水平上,3 种国槐根际土壤样品中相对丰度排名前 10 的细菌属也显示出相似性。例如,相对丰度较高的细菌属包括 *Vicinamibacteraceae*、*Vicinamibacterales*、*Gemmatimonadaceae* 和 *gamma proteobacterium*(图 4,b)。



注:(A: SA, B: SB, C: C)。*表示差异具有统计学意义($P < 0.05$), **表示差异显著($P < 0.01$), ***表示差异极显著($P < 0.001$)。

图3 3种不同生长状态的国槐的根际土壤中真菌的 Alpha 多样性指数

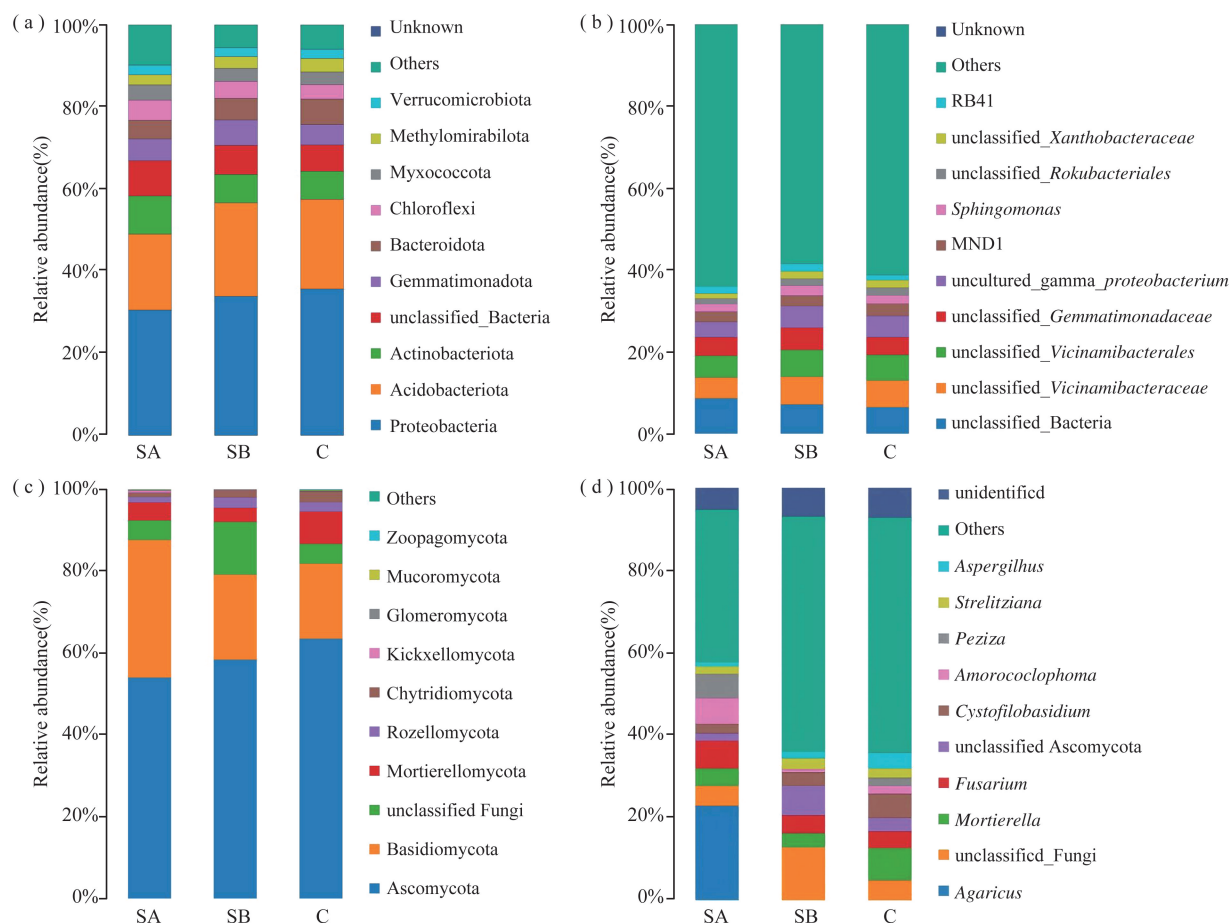
Fig. 3 Alpha diversity index of fungi in the rhizosphere soils of *S. japonica* across three different growth states

2.3.2 国槐根际土壤真菌群落结构。在真菌的物种分布上,3种根际土壤样品中相对丰度前6位的真菌物种门类显示出相似性。子囊菌门(Ascomycota)在所有样品中均为绝对优势菌门,它在SA样品中的相对丰度高达53.98%,在SB样品中为58.35%,在C样品中更是达到了63.47%(图4,c)。担子菌门(Basidiomycota)同样是一个优势门类,它在SA、SB和C样品中的相对丰度分别为33.67%、20.80%和18.37%。子囊菌门(Ascomycota)是真菌界最大的门,它包括三个亚门,分别为酵母菌亚门(Saccharomycotina)、盘菌亚门(Pezizomycotina)和外囊菌亚门(Taphrinomycotina)^[32]。此外,某些 Basidiomycetes 会引起森林和园林植物的病害,特别是大型腐生真菌会导致木材腐烂,从而造成重大的经济损失^[33]。在SA土壤样品中,担子菌门(Basidiomycota)的相对丰度高于SB和C样品,这可能与国槐根系的腐烂有关,但尚不能确定其为国槐死亡的直接原因。在真菌属分类水平上,3种国槐根际土壤样品的真菌物种分布表现出差异性。例如,在SA样品中,*Agaricus*属以23.00%的相对丰度占据绝对优势,而在SB和C土壤样品中,*Agaricus*属的相对丰度则较低(图4,d)。考虑到*Agaricus*属真菌主要营腐生生活^[34-35],它在SA样品中相对丰度的增加可能与该采样位置国槐死亡后根系的腐烂密切相关。再者,镰刀菌属(*Fusarium*)、*Amorocoelephoma*属和盘菌属(*Peziza*)在SA样品中的相对丰度分别为6.74%、6.34%和5.85%,均高于SB和C样品。在SB样品中,未分类的Ascomycota真菌属的相对丰度均高于SA和C样品,达到了7.12%。此外,被孢霉属(*Mortierella*)和*Cystofilobasidium*属真菌在C样品中的相对丰度分别为7.83%和5.80%,均高于SA和SB样品。

2.4 不同生长状态的国槐的根际土壤微生物物种丰度及组间差异分析

在3种不同生长状态的国槐的根际土壤样品中,共发现464个细菌属和150个真菌属在所有样品中均有分布。在细菌的门分类水平上,3种根际土壤之间绿弯菌门(Chloroflexi)、放线菌门(Actinobacteriota)和Myxococcota在SA样品中表现出较高的物种丰度,芽单胞菌门(Gemmatimonadota)在SB样品中表现出较

高的物种丰度,而变形菌门(Proteobacteria)、拟杆菌门(Bacteroidota)和 Methyloirabilota 在 C 样品中的物种丰度相对较高(图 5,a)。在细菌属分类水平上,3 种根际土壤之间 *Chloroflexi* 和 *Cyanobacteriales* 在 SA 样品中的物种丰度较高,*Sphingomonas*、*Steroidobacter*、*Geminicoccaceae* 和 *Gemmatimonadaceae* 在 SB 样品中的物种丰度较高,而 *Nitrospira* 和 *Rokubacteriales* 在 C 样品中具有较高的物种丰度(图 5,b)。



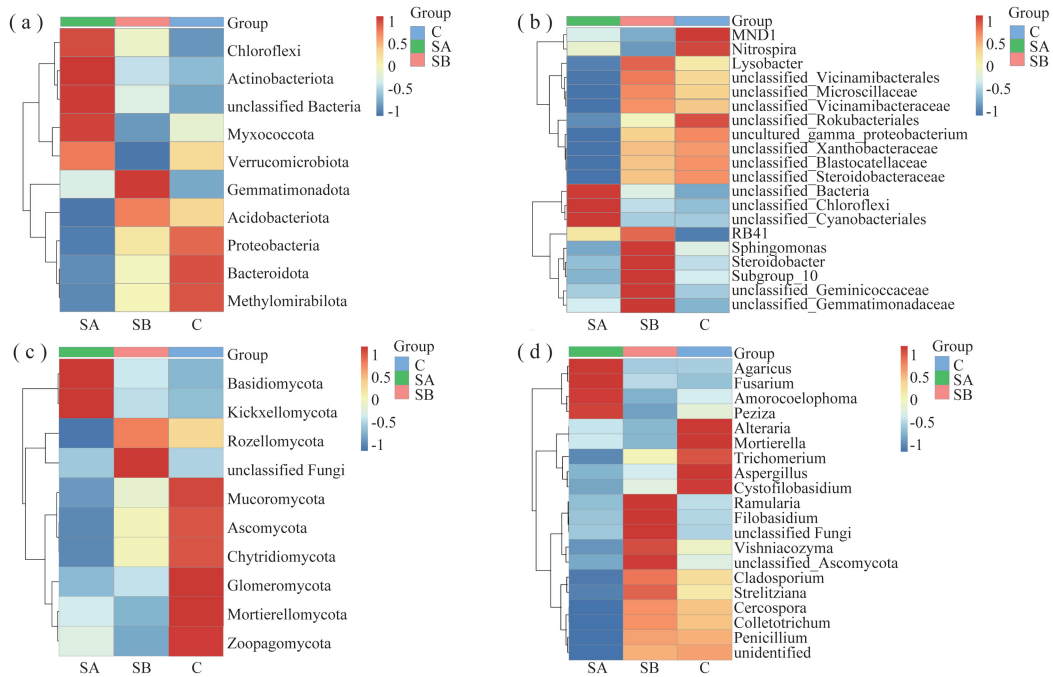
注:(a, b)和真菌;(c, d)在门;(a, c)和属;(b, d)分类水平上的物种分布图。

图 4 不同生长状态的国槐的根际土壤中细菌和真菌在门和属分类水平上的物种分布图
Fig. 4 Species distribution of bacteria and fungi at the phylum and genus classification levels in the rhizosphere soils of *S. japonica* across different growth states

在真菌的门分类水平上,SA 样品中的担子菌门(Basidiomycota)和 Kickxellomycota,SB 样品中的罗兹菌门(Rozellomycota),以及 C 样品中的毛霉门(Mucoromycota)、子囊菌门(Ascomycota)、壶菌门(Chytridiomycota)、球囊菌门(Glomeromycota)、被孢霉门(Mortierellomycota)和 Zoopagomycota 的物种丰度显著高于其他样品中的相应门类(图 5,c)。在真菌属分类水平上,SA 样品中的 *Agaricus*、镰刀菌属(*Fusarium*)、*Amorococlophoma* 和盘菌属(*Peziza*),SB 样品中的柱隔孢属(*Ramularia*)、*Filobasidium*、*Vishniacozyma*、未分类的 Ascomycota 菌属和 *Strelitziana*,以及 C 样品中的链格孢属(*Alternaria*)、被孢霉属(*Mortierella*)、*Trichomerium*、曲霉属(*Aspergillus*)和 *Cystofilobasidium* 相比于其他根际土壤样品中的相应属,均显示出了更高的物种丰度(图 5,d)。

根际土壤微生物群落的差异可能是国槐生长状态变化的结果,这些差异能够反映土壤环境的特征,并为国槐的栽培与管理提供重要的科学参考。例如,镰刀菌属(*Fusarium*)是引起根腐病的主要致病菌之一^[36-37],在主干已死亡的国槐的根际土壤样品 SA 中,*Fusarium* 属真菌物种丰度高可能与国槐的死亡有关。此外,*Peziza* 属,一种常寄生于死亡植物上的真菌,在土壤中也经常被检测到^[38-39],它在 SA 样品中的相对丰度增加也可能与国槐的根腐有关。再者,*Mortierella* 属真菌常被用作促进植物生长的生物刺激素和提高植物抗病性的生防菌剂,其不仅可以提高植物的光合效率,还可以促进土壤养分的转化和优化微生物群落结

构^[40-41]。在 C 样品中, *Mortierella* 属真菌物种丰度高可能有利于国槐的健康生长。根据组间差异性 LEfSe 分析(图 6), 3 种国槐根际土壤样品之间的真菌物种丰度存在显著差异。SA 样品中的 *Amorocoeleophoma* 和 *Peziza*, SB 样品中的 *Pseudocoeleophoma*、*Vishniacozyma* 和 *Filobasidium*, 以及 C 样品中的 *Mortierella*、*Cystofilobasidium* 和 *Aspergillus* 在 3 种国槐根际土壤样品之间表现出物种丰度差异性。



注:(a, b)和真菌;(c, d)在门;(a, c)和属;(b, d)分类水平上的物种丰度聚类热图。

图 5 不同生长状态的国槐的根际土壤中细菌和真菌在门和属分类水平上的物种丰度聚类热图
Fig. 5 Cluster heatmaps of bacterial and fungal species abundance at the phylum and genus classification levels in the rhizosphere soils of *S. japonica* across different growth states

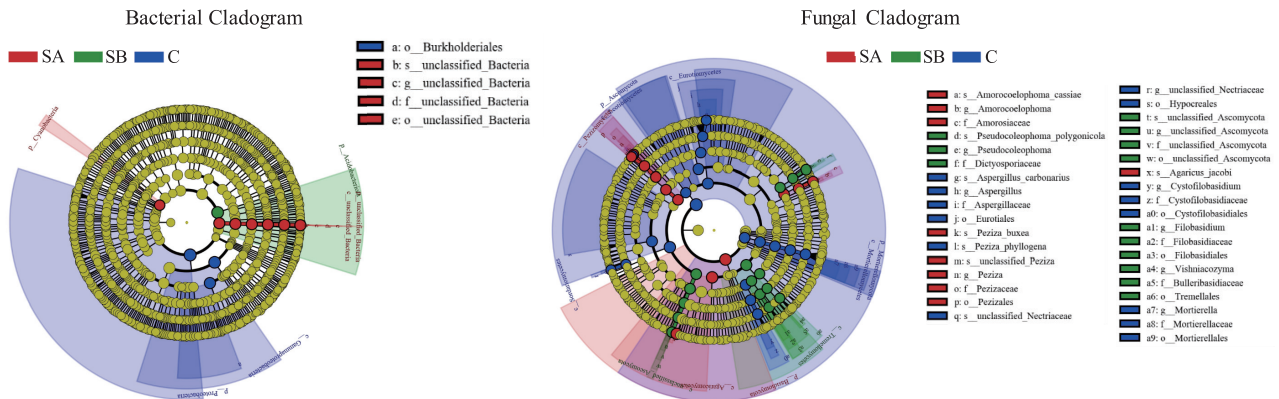


图 6 不同生长状态的国槐的根际土壤样品之间细菌和真菌的组间差异性 LEfSe 分析(LDA 阈值大于 4)
Fig. 6 LEfSe Analysis of group differences between bacteria and fungi in rhizosphere soil samples of Chinese locust with different growth status (LDA threshold greater than 4)

3 结论

通过对不同生长状态的国槐根际土壤理化性质和微生物群落进行分析,揭示了国槐生长状态与土壤环境之间的关联性。结果表明,聊城市东昌府区东昌路两侧行道树国槐所生长的土壤均属于碱性土壤,3 种根际土壤样品中的有机质含量、总氮含量、总磷和全钾含量处于中高水平,健康生长的国槐的根际土壤中有效磷和水溶性氮含量偏低,但速效钾含量丰富。根际土壤微生物群落结构分析发现,相较于 SB 和 C 样品,SA

样品具有更高的细菌物种多样性和丰富度,但真菌物种多样性和丰富度较低。基于特征序列的分类学注释和聚类分析,在门分类水平上,细菌变形菌门(Proteobacteria)和真菌子囊菌门(Ascomycota)在3种根际土壤样品中均为绝对优势门类。在真菌属分类水平上,主要营腐生生活的 *Agaricus* 属真菌在 SA 样品中占据绝对优势。此外,镰刀菌属(*Fusarium*)、*Amorocoelophoma* 和盘菌属(*Peziza*)真菌在 SA 样品中也具有较高的物种丰度。在 C 样品中,生物刺激素类真菌被孢霉属(*Mortierella*)呈现较高的物种丰度,这对国槐的健康生长是有利的。根际土壤微生物群落的差异可能是国槐生长状态变化的结果,这些差异能够反映土壤环境的特征,并为国槐的栽培与管理提供重要的科学参考。

参 考 文 献

- [1] 孙昱, 彭祚登. 国槐的历史文化与价值研究[J]. 北京林业大学学报(社会科学版), 2018, 17(2): 23-31.
- [2] 高敏. 观赏树种国槐绿化苗培育技术[J]. 中国林副特产, 2023(1): 37-38.
- [3] 于燕琴. 冀北国槐病虫害的发生与防治[J]. 现代农村科技, 2024(8): 45-46.
- [4] 田士林, 李莉. 国槐烂根研究[J]. 安徽农业科学, 2006, 34(14): 3342, 3344.
- [5] 王英. 国槐常见病虫害及其防治技术[J]. 种子科技, 2022, 40(11): 82-84.
- [6] YU H D, ZHENG Z, XU B H, et al. First report of sweet cherry root rot caused by *Fusarium solani* in China[J]. Plant Disease, 2024, 108(9): 2924.
- [7] DA SILVA J S A, ALVES, V C S, DA SILVA, S F, et al. Diaporthe ueckeri causing cassava root rot in Pernambuco Brazil[J]. Crop Protection, 2024, 184: 106811.
- [8] PU W L, HU Y C, WU T, et al. *Fusarium decemcellulare* Brick causes root rot of *Cinnamomum camphora* (Linn) Presl[J]. Forest Pathology, 2024, 54(3): e12867.
- [9] YU L M, ZHANG Z F, LIU P Y, et al. Elevated altitude and limestone soil promoted fungal diversity in rhizosphere soil of *Sophora japonica* [J]. Horticulturae, 2024, 10(5): 441.
- [10] LIU D, LIU Y, FANG S, et al. Tree species composition influenced microbial diversity and nitrogen availability in rhizosphere soil[J]. Plant Soil and Environment, 2015, 61(10): 438-443.
- [11] GONG B, HE Y, LUO Z B, et al. Response of rhizosphere soil physicochemical properties and microbial community structure to continuous cultivation of tobacco[J]. Annals of Microbiology, 2024, 74(1): 4.
- [12] WANG M J, SUN H Y, XU Z M. Characterization of rhizosphere microbial diversity and selection of plant-growth-promoting bacteria at the flowering and fruiting stages of rapeseed[J]. Plants-Basel, 2024, 13(2): 329.
- [13] ALAMOUDI S A. Using some microorganisms as biocontrol agents to manage phytopathogenic fungi: a comprehensive review[J]. Journal of Plant Pathology, 2024, 106(1): 3-21.
- [14] BERENDSEN R L, PIETERSE C M J., BAKKER P A H M. The rhizosphere microbiome and plant health[J]. Trends in Plant Science, 2012, 17(8): 478-486.
- [15] RAAIJMAKERS J M, PAULITZ T C, STEINBERG C, et al. The rhizosphere: a playground and battlefield for soilborne pathogens and beneficial microorganisms[J]. Plant and Soil, 2009, 321: 341-361.
- [16] TRIVEDI P, LEACH J E, TRINGE S G, et al. Plant-microbiome interactions: from community assembly to plant health[J]. Nature Reviews Microbiology, 2020, 18: 607-621.
- [17] 中华人民共和国农业部. 土壤检测 第6部分:土壤有机质的测定:NY/T 1121.6—2006 [S]. 北京:中国农业出版社, 2006.
- [18] 中华人民共和国农业部. 土壤 pH 的测定:NY/T 1377—2007 [S]. 北京:中国农业出版社, 2007.
- [19] 国家林业局. 森林土壤氮的测定:LY/T 1228—2015 [S]. 北京:中国标准出版社, 2015.
- [20] 国家林业局. 森林土壤磷的测定:LY/T 1232—2015 [S]. 北京:中国标准出版社, 2015.
- [21] 中华人民共和国农业部. 土壤检测 第7部分:土壤有效磷的测定:NY/T 1121.7—2014 [S]. 北京:中国农业出版社, 2014.
- [22] 国家林业局. 森林土壤钾的测定:LY/T 1234—2015 [S]. 北京:中国标准出版社, 2016.
- [23] 中华人民共和国农业部. 土壤速效钾和缓效钾含量的测定:NY/T 889—2004 [S]. 北京:中国农业出版社, 2005.
- [24] MACIEL M G R, RAMOS M B, DE SOUZA S M, et al. Water and nutrients mediate tree communities in the driest region of Caatinga [J]. Catena, 2024, 242: 108107.
- [25] DUAN Y L, LI Y Q, ZHAO J H, et al. Changes in microbial composition during the succession of biological soil crusts in alpine Hulun Buir sandy land, China[J]. Microbial Ecology, 2024, 87(1): 43.
- [26] XU H L, WANG S Q, JIANG N, et al. Organic fertilizer prepared by thermophilic aerobic fermentation technology enhanced soil humus

- and related soil enzyme activities[J]. *Soil Use and Management*, 2024, 40(2): e13059.
- [27] SEGATA N, IZARD J, WALDRON L, et al. Metagenomic biomarker discovery and explanation[J]. *Genome Biology*, 2011, 12(6): R60.
- [28] BOLYEN E, RIDEOUT J R, DILLON M R, et al. Reproducible interactive scalable and extensible microbiome data science using QIIME 2[J]. *Nature Biotechnology*, 2019, 37(8): 852-857.
- [29] CALLAHAN B J, MCMURDIE P J, ROSEN M J, et al. DADA2: high-resolution sample inference from Illumina amplicon data[J]. *Nature Methods*, 2016, 13(7): 581-583.
- [30] 徐华丽, 加玉杰, 白琳, 等. 随县澧潭镇油茶园土壤养分现状及评价[J]. *湖北林业科技*, 2024, 53(4): 29-33.
- [31] 全国土壤调查办公室. 全国第二次土壤普查暂行技术规程[M]. 北京: 中国农业出版社, 1979.
- [32] SHEN X X, STEENWYK J L, LABELLA A L, et al. Genome-scale phylogeny and contrasting modes of genome evolution in the fungal phylum Ascomycota[J]. *Science Advances*, 2020, 6(45): eabd0079.
- [33] MARIAN I M, VONK P J, VALDES I D, et al. The transcription factor Roc1 is a key regulator of cellulose degradation in the wood-decaying mushroom *Schizophyllum commune* [J]. *mBio*, 2022, 13(3): e0062822.
- [34] JAICHALIAW C, KUMLA J, VADTHANARAT S, et al. Multigene phylogeny and morphology reveal three novel species and a novel record of *Agaricus* from northern Thailand[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2021, 12: 650513.
- [35] AHAMED M, VERMA K, SHARMA Y P. Morphological and molecular characterization of three *Agaricus* species from Jammu and Kashmir, India[J]. *Biology Bulletin*, 2024, 51(14): 980-992.
- [36] AL-SADI A M, AL-JABRI A H, AL-MAZROUI S S, et al. Characterization and pathogenicity of fungi and oomycetes associated with root diseases of date palms in Oman[J]. *Crop Protection*, 2012, 37: 16.
- [37] OCAMB C M, JUZWIK J, MARTIN F B. *Fusarium* spp and *Pinus strobus* seedlings: root disease pathogens and taxa associated with seed[J]. *New Forests*, 2002, 24(1): 67-79.
- [38] VIZZINI A, MEDARDI G, TAMM H, et al. Study and clarification of *Peziza petersii* and *P. proteana* (Ascomycota, Pezizaceae), and *Underwoodia campbellii* resurrected for the “cabbage-head fungus” (formerly *P. proteana* f. *sparassoides*) [J]. *Mycological Progress* 2020, 19(5): 505-523.
- [39] CROUS P W, WINGFIELD M J, BURGESS T I, et al. Fungal planet description sheets: 625-715[J]. *Persoonia*, 2017, 39: 270-467.
- [40] DU T T, QU X D, WANG Y B, et al. Rhizosphere *Mortierella* strain of alfalfa exerted weed growth inhibition by inducing expression of plant hormone-related genes[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2024, 15: 1385992.
- [41] NOURI C, SAADAoui M, MORLEVAT T, et al. Seed treatment with *Mortierella alpina* M01 promotes tomato growth and mitigates Verticillium wilt and bacterial speck disease infections by potentiating plant antioxidant responses[J]. *Journal of Plant Pathology*, 2024.

(责任编辑:刘庆松)