



小麦根系分泌物对西瓜连作土壤真菌群落结构的影响

田晴, 高丹美, 李慧, 刘守伟, 周新刚, 吴凤芝

(东北农业大学园艺园林学院, 哈尔滨 150030)

摘要:【目的】研究小麦根系分泌物对西瓜连作土壤中特异性菌群、真菌群落结构和多样性的影响,明确根系分泌物对改善连作土壤微生物环境的作用,为西瓜枯萎病的生态防治和菜田土壤的健康保持提供参考。【方法】本试验以连作3年的西瓜土壤为研究对象,利用土培盆栽试验研究小麦根系分泌物对西瓜连作土壤中真菌群落结构和多样性的影响。【结果】荧光定量结果表明外源添加小麦根系分泌物降低了土壤中总真菌、尖孢镰刀菌和西瓜专化型尖孢镰刀菌的菌群丰度,增加了木霉菌的菌群丰度,且有西瓜苗并添加小麦根系分泌物处理的木霉菌丰度最高,尖孢镰刀菌的丰度最低。无西瓜苗并添加去离子水溶液处理的木霉菌丰度最低,尖孢镰刀菌的丰度最高。在门水平,增加了西瓜连作土壤中壶菌门(Chytridiomycota)的相对丰度,降低了接合菌门(Zygomycota)和担子菌门(Basidiomycota)的相对丰度;在属水平,增加了对病原菌有拮抗作用的毛壳菌属(*Chaetomium* spp.)和顶孢霉属(*Acremonium* spp.)的相对丰度,同时降低了有致病潜力的尖孢镰刀菌属(*Fusarium* spp.)和腐生菌(*Humicola* spp.)物种的相对丰度。【结论】小麦根系分泌物引起的西瓜连作土壤中真菌群落的变化是小麦间作西瓜减缓西瓜病害的原因之一。

关键词: 真菌群落; 木霉菌; 尖孢镰刀菌; 小麦根系分泌物; 西瓜; 连作土壤

Effects of Wheat Root Exudates on the Structure of Fungi Community in Continuous Cropping Watermelon Soil

TIAN Qing, GAO DanMei, LI Hui, LIU ShouWei, ZHOU XinGang, WU FengZhi

(College of Horticulture and Landscape, Northeast Agricultural University, Harbin 150030)

Abstract: 【Objective】 The aim of this paper was to study the effects of wheat root exudates on specific microflora, fungal community structure and diversity in watermelon continuous cropping soils, which was of great theoretical significance to find out the effects of root exudates on the improvement of soil microbial environment, the ecological control of watermelon wilt and the healthy maintenance of vegetable soil. 【Method】 In this experiment, the continuous cropping of watermelon for three years was used as the research object. The effects of wheat root exudates on the structure and diversity of fungal community in watermelon continuous cropping soil were studied by soil culture experiment. 【Result】 Re-time PCR results showed that exogenously added wheat root exudates reduced the abundance of total fungal, *Fusarium* spp. and *Fusarium oxysporum* f. sp. *niveum*, but the abundance of *Trichoderma* spp. was increased in the soils with and without watermelon seedlings. Moreover, the abundance of *Trichoderma* spp. was the highest under the treatment with watermelon seedlings and exogenous addition of wheat root exudates, but the abundance of *Fusarium* spp. was the lowest. *Trichoderma* spp. treated with no watermelon seedlings and added with deionized water solution had the lowest abundance, while *Fusarium oxysporum* had the highest abundance. At the phylum level, exogenous addition of wheat root exudates increased the relative abundance of Chytridiomycota in the watermelon soils, but reduced the relative abundances of

收稿日期: 2019-07-24; 接受日期: 2019-09-29

基金项目: 国家自然科学基金(31471917)

联系方式: 田晴, E-mail: tianqing0226@126.com. 通信作者吴凤芝, E-mail: fzwu2006@aliyun.com

Zygomycota and Basidiomycota in the soils with and without watermelon seedlings. At the genus level, exogenous addition of wheat root exudates increased the relative abundances of *Chaetomium* and *Acremonium* spp. in the soils with and without watermelon seedlings, whose species could have pathogen-antagonistic and/or plant-growth-promoting effects. However, exogenously addition wheat root exudates decreased the relative abundances of *Fusarium* and *Humicola* spp. in the soils with and without watermelon seedlings, which contained the species that could cause plant pathogens. 【Conclusion】Overall, our results showed that, the change of fungal community in watermelon soil caused by wheat root exudates was one of the reasons why wheat/watermelon slowed down watermelon disease.

Key words: fungal community; *Trichoderma* spp.; *Fusarium* spp.; wheat root exudates; watermelon; continuous cropping soil

0 引言

【研究意义】西瓜 (*Citrullus lanatus* (Thunb.) Matsum & Nakai) 是我国用量较大的水果之一, 其在农业生产中具有重要的经济地位^[1]。在现代集约化农业系统中, 为了追求作物产量和效益的最大化, 西瓜连作现象普遍存在。单作系统中, 特异性土壤病原菌的积累是西瓜产量损失的重要原因。小麦是禾本科作物, 具有较强的化感作用, 其产生的化感物质有异羟肟酸和酚类化合物^[2]。研究小麦根系分泌物对连作西瓜土壤中特异性菌群、真菌群落结构和多样性的影响, 探明根系分泌物对连作土壤微生物环境的改善作用, 对西瓜枯萎病的生态防治和菜田土壤的健康保持具有重要的理论意义。【前人研究进展】研究发现, 多样化的管理实践 (如间作和轮作) 可以缓解连作引起的负面影响, 间作小麦增强了西瓜对枯萎病的抗性^[3]。间作抑制作物病害的机制可能与根系分泌物和土壤微生物有关^[4-5]。不同植物分泌的物质并不完全相同, 所以植物多样性的变化改变了土壤中根系分泌物的数量和类型^[6]。早稻的根系分泌物可以改变西瓜根际土壤中微生物的多样性, 增加根际土壤中放线菌的丰度, 同时降低真菌的丰度和病原菌的活性^[7]。根系分泌物可通过改变微生物的结构和多样性间接抑制病原体的生长^[8-9], 也可以直接抑制病原菌^[10]。土壤微生物在维持农业生态系统中发挥着重要作用^[11]。尖孢镰刀菌属和木霉菌属都是丝状的子囊真菌^[12], 木霉菌可以增强植物对病原体的防御能力, 并促进植物生长^[13-14]。此外, 木霉菌属中的某些物种 (例如 *T. asperellum* (T-34)) 是尖孢镰刀菌的生物控制剂^[15]。尖孢镰刀菌属中存在致病性和非致病性物种, 致病性物种可以感染许多植物并导致作物维管束阻塞, 引起植株萎蔫^[16]。【本研究切入点】在植物多样性的种植体系中, 土壤中根系分泌物的数量和类型会发生改变从而改变土壤中的微生物^[6]。体外试验研究发现小麦根系

分泌物对西瓜专化型尖孢镰刀菌有抑制作用^[17]。例如水稻根系分泌物中有香豆酸而没有阿魏酸, 西瓜根系分泌物则与之相反^[18]。目前西瓜幼苗根系分泌物和小麦根系分泌物在西瓜土壤中对微生物相互作用的研究还比较少。前期研究发现, 伴生小麦可以减轻西瓜枯萎病的发生^[19], 这与小麦根系分泌物密切相关^[4], 但小麦根系分泌物是如何调控真菌群落以及有益微生物来抑制植物病原菌的还不得而知。【拟解决的关键问题】本研究利用荧光定量和高通量测序技术, 研究外源添加小麦根系分泌物对西瓜连作土壤中真菌群落的结构和多样性的影响, 为揭示根系分泌物对微生物群落变化规律的影响提供理论依据, 也为间作缓解病害的发生提供科学依据。

1 材料与方法

试验于 2018 年 1—7 月东北农业大学设施工程中心日光温室和园艺园林学院蔬菜生理生态实验室进行。

1.1 试验材料

供试土壤类型为北方黑土, 取自连作 3 茬西瓜土壤 (采用 5 点取样法, 取其耕层 0—15 cm 的土混合均匀备用), 其铵态氮 30.82 mg·kg⁻¹, 硝态氮 25.37 mg·kg⁻¹, 速效磷 246.31 mg·kg⁻¹, 速效钾 256.00 mg·kg⁻¹, 有机质 30.60 g·kg⁻¹, pH 7.21 (1:2.5, 土:水), EC 值 1.08 ms·cm⁻¹ (1:2.5, 土:水)。西瓜品种为‘黑美人’ (感病品种), 购于种子公司。小麦 (*Triticum aestivum* L.) 品种为 D₁₂₃, 由笔者课题组提供。

1.2 试验设计

1.2.1 小麦根系分泌物的收集 将从东北农业大学设施工程中心塑料大棚中采集闲置 4 年的土壤 (0—15 cm) 混合均匀, 然后装入 15 cm×13.5 cm 的塑料盆中, 每盆装土 900 g。每盆播种 105 粒小麦种子, 常规管理。待小麦苗高 20 cm 左右时, 将小麦的根系取出, 先用

自来水冲洗,再用去离子水清洗,将小麦苗置于盛有 $0.5 \text{ mmol} \cdot \text{L}^{-1} \text{ CaCl}_2$ 的去离子水溶液的塑料杯(500 mL)中,烧杯外包裹锡纸避光。在光照培养箱中培养 6 h,取出根后得到的就是小麦根系分泌物^[20]。先后用布氏漏斗和两层 $0.45 \mu\text{m}$ 滤膜过滤。将根系表面的水分吸干,并对根系称重。依据前期的研究发现小麦根系分泌物的浓度在 ($1 \text{ g}/10 \text{ mL}$) 时,对西瓜专化型尖孢镰刀菌的抑制作用最大^[4]。因此,用含 $0.5 \text{ mmol} \cdot \text{L}^{-1} \text{ CaCl}_2$ 的去离子水溶液定容根系分泌物至 1 g 根鲜重/ 10 mL ^[21]。密封,放于 -80°C 冰箱中备用。

1.2.2 试验处理设计 将西瓜连作土壤装入 $15 \text{ cm} \times 13.5 \text{ cm}$ 的塑料盆中,每盆装西瓜连作土壤 900 g 。试验设置有西瓜苗外源添加小麦根系分泌物(WR)、无西瓜苗外源添加小麦根系分泌物(NR)、有西瓜苗外源添加含 CaCl_2 的去离子水溶液(WC)和无西瓜苗外源添加含 CaCl_2 的去离子水溶液(NC) 4 个处理。每个处理 6 盆,3 次重复,随机排列,常规管理。不喷施药剂,不施加化肥,人工除草。

1.3 试验方法

西瓜常规育苗,待西瓜生长至三叶一心时定植于装有西瓜连作土的栽培盆中,每 5 d 用收集到的小麦根系分泌物对西瓜进行灌根处理,即分别在西瓜缓苗后的第 0、5、10、15、20、25、30 和 35 天将收集的小麦根系分泌物浇灌到每个盆中,每盆浇灌 20 mL 到西瓜根部,模拟小麦根系分泌物的作用。西瓜缓苗后的第 40 天采集不同处理的土壤。以每个处理 6 盆土壤的混合样作为一个样本,即每个处理有 3 个重复样本。将收集到的土壤样本过 2 mm 筛后保存在 -80°C 冰箱中,用于土壤 DNA 的提取。

1.3.1 土壤总 DNA 的提取 取 0.25 g 土壤样品,用 Power Soil® DNA Isolation Kit (MO BIO Laboratories, CA, USA) 按说明提取 DNA。对每个土壤样品平行提取 3 次,提取到的溶液混合后待用。用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测提取的土壤 DNA。使用 NanoDrop ND-1000 UV-Vis 分光光度计 (Thermo Scientific, Rockwood, TN, USA) 检测提取物的 DNA 浓度和质量 (A260/A280)。

1.3.2 qPCR 在 IQ5 实时 PCR 系统 (Bio-Rad Lab, LA, USA) 中测定土壤微生物的丰度。总真菌、木霉菌、尖孢镰刀菌和西瓜专化型尖孢镰刀菌分别使用引物 ITS1F/ITS4^[22]、UtiF/UtiR^[23]、FnSc-1/FnSc-2^[24] 和 Fon-1/Fon-2^[24]。

1.3.3 高通量测序 用 Illumina MiSeq 测序分析土壤真菌群落的组成。用引物 ITS1F/ITS2R 扩增真菌 rRNA 的 ITS1 区域^[25]。使用 mothur 软件处理获得的 DNA 序列。用 USEARCH v7.1 去除嵌合序列。用 UPARSE 将具有 97% 相似性的独特序列聚类到操作分类单元 (OTU) 中。使用含有真菌核糖体 RNA 序列 (版本 119) 的 SILVA 数据库对序列进行分类。

1.4 数据分析

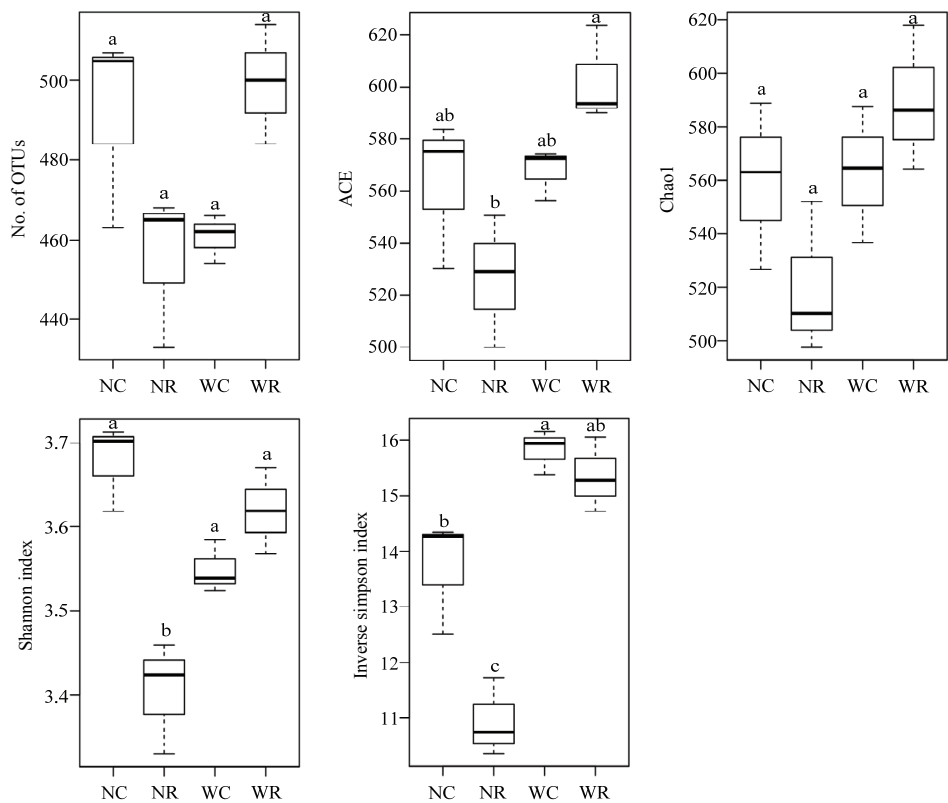
试验原始数据的整理采用 Microsoft Excel (Office 2016) 软件完成。对于 Illumina MiSeq 测序数据,用 Mother (version v.1.30.1) 计算 Chao1、ACE、Shannon 和 Inverse Simpson 的多样性指数。对于 Beta 多样性分析,基于 Bray-Curtis 距离用 “R” 中的 “vegan” 作 PCoA 图,研究样本群落组成的相似性或差异性。用 Origin8.5 软件做柱形图。基于 Tukey 在 0.05 概率水平上的真实显著性差异 (HSD) 进行处理之间的平均比较。

2 结果

2.1 小麦根系分泌物对西瓜连作土壤真菌群落多样性的影响

2.1.1 对真菌群落 α 多样性的影响 无苗添加小麦根系分泌物处理的 Shannon 指数和 Inverse Simpson index 低于其他处理 ($P < 0.05$)。无苗添加小麦根系分泌物 (NR) 处理的 ACE 显著低于处理 WR ($P < 0.05$)。无苗对照 (NC) 的 Inverse Simpson index 显著低于有苗对照 WC ($P < 0.05$) (图 1)。

2.1.2 对土壤中总真菌、木霉菌、尖孢镰刀菌和西瓜专化型尖孢镰刀菌丰度的影响 有西瓜苗添加小麦根系分泌物 (WR) 和无西瓜苗添加小麦根系分泌物 (NR) 的处理均降低了真菌和尖孢镰刀菌的菌群丰度 (图 2-a, c), 且无西瓜苗添加小麦根系分泌物的土壤 (NR) 中尖孢镰刀菌的菌群丰度高于有西瓜苗添加小麦根系分泌物的处理 (WR) (图 2-c)。有西瓜苗添加去离子水 (WC) 总真菌的菌群丰度高于无西瓜苗添加去离子水 (NC) (图 2-a)。有西瓜苗添加小麦根系分泌物 (WR) 和无西瓜苗添加小麦根系分泌物 (NR) 的处理均增加了木霉菌的菌群丰度,并且有西瓜苗添加小麦根系分泌物 (WR) 的木霉菌菌群丰度较高 (图 2-b)。有西瓜苗添加小麦根系分泌物 (WR) 的处理降低了西瓜专化型尖孢镰刀菌的菌群丰度 (图 2-d)。



NC: 无西瓜苗添加去离子水 (含 CaCl_2) ; NR: 无西瓜苗添加小麦根系分泌物; WC: 有西瓜苗添加去离子水 (含 CaCl_2) ; WR: 有西瓜苗添加小麦根系分泌物。不同小写字母表示差异显著 ($P<0.05$)。下同
NC: No wheat root exudates to the soils of no watermelon seedling; NR: Wheat root exudates to the soils of no watermelon seedling; WC: No wheat root exudates to the soils of watermelon seedling; WR: Wheat root exudates to the soils of watermelon seedling. Different lowercase letters indicate significant differences ($P<0.05$). The same as below

图 1 小麦根系分泌物对真菌群落 α 多样性的影响
Fig. 1 Effects of wheat root exudates on α diversity of fungal communities

2.2 小麦根系分泌物对西瓜连作土壤真菌群落结构的影响

2.2.1 在门水平上对土壤真菌群落结构的影响
在各处理土壤中, 子囊菌门 (Ascomycota)、壶菌门 (Chytridiomycota)、接合菌门 (Zygomycota) 和担子菌门 (Basidiomycota) 是主要的真菌门 (平均相对丰度 $>1\%$), 占真菌序列的 94% 以上。在无西瓜苗处理中, 外源添加小麦根系分泌物增加了 Chytridiomycota 的相对丰度, 但降低了 Zygomycota 和 Basidiomycota 的相对丰度。有西瓜苗的处理 (WC 和 WR) 中, Chytridiomycota 和 Zygomycota 的相对丰度分别高于无西瓜苗处理 (NC 和 NR)。无苗添加小麦根系分泌物的处理 (NR) 中 Ascomycota 的相对丰度高于有西瓜苗的处理 (WC 和 WR) (图 3-a)。

2.2.2 在纲水平上对土壤真菌群落结构的影响
在纲水平上, 粪壳菌纲 (Sordariomycetes)、盘菌纲

(Pezizomycetes) 和壶菌纲 (Chytridiomycetes) 占真菌序列的 78% 以上。在无苗处理中, 小麦根系分泌物处理中 Sordariomycetes 和 Chytridiomycetes 的相对丰度高于对照, 但 Pezizomycetes 和银耳纲 (Tremellomycetes) 的相对丰度低于对照。小麦根系分泌处理 (NR 和 WR) 中 Dothideomycetes 的相对丰度高于对照处理 (NC 和 WC)。有西瓜苗的处理 (WC 和 WR) 中 Sordariomycetes 和散囊菌纲 (Eurotiomycetes) 的相对丰度高于无苗处理 (NC 和 NR), 但 Pezizomycetes、Dothideomycetes 和 Tremellomycetes 的相对丰度低于无苗处理 (NC 和 NR) (图 3-b)。

2.2.3 在属水平上对土壤真菌群落结构的影响
在属水平上 (平均相对丰度 $>1\%$), *Kernia*、*Chaetomium*、*Fusarium* 和 *Acremonium* 是主要的分类群 (平均相对丰度 $>16\%$)。无苗添加小麦根系分泌物的处理 (NR)

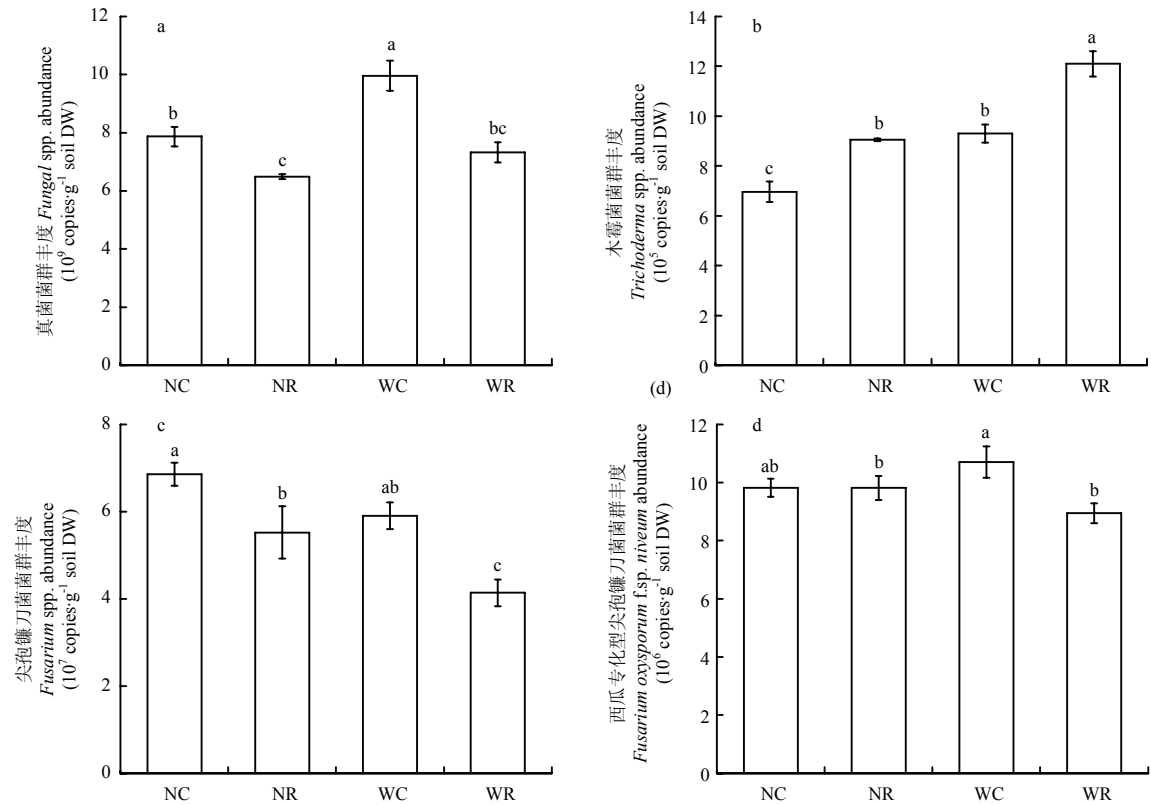


图 2 小麦根系分泌物对总真菌 (a)、木霉菌 (b)、尖孢镰刀菌 (c) 和西瓜专化型尖孢镰刀菌 (d) 丰度的影响

Fig. 2 Effects of wheat root exudates on the abundances of total fungi (a), *Trichoderma* spp. (b), *Fusarium* spp. (c) and *Fusarium oxysporum* f. sp. *niveum* (d)

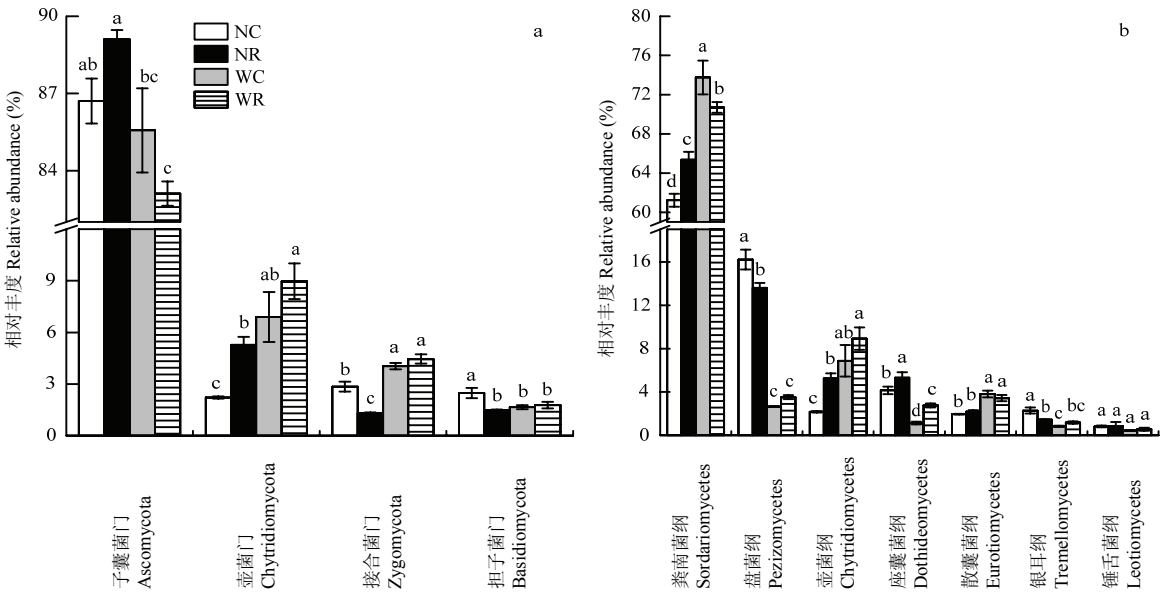


图 3 小麦根系分泌物对西瓜连作土壤真菌门 (a) 和纲水平 (b) 的影响

Fig. 3 Effects of wheat root exudates on the phylum (a) and class (b) level of fungal in watermelon soil

中 *Acremonium* 的相对丰度高于无苗对照处理 (NC)，但无苗添加小麦根系分泌物的处理 (NR) 中 *Humicola*、*Mortierella*、*Cephalophora* 和 *Cryptococcus* 的相对丰度低于无苗对照处理 (NC)。有苗对照处理中 *Chaetomium* 和 *Alternaria* 的相对丰度低于有苗添加小麦根系分泌物处理 (WR)，而 *Fusarium* 和 *Podospora* 的相对丰度高于有苗添加小麦根系分泌物处理 (WR)。与有西瓜苗的处理 (WC 和 WR) 相比，无苗添加小麦根系分泌物的处理 (NR) 增加了 *Acremonium* 和 *Rhizophlyctis* 的相对丰度，但是降低了 *Chaetomium*、*Fusarium*、*Humicola*、*Mortierella*、*Podospora* 和 *Aspergillus* 的相对丰度 ($P<0.05$) (表 1)。

表 1 小麦根系分泌物对西瓜连作土壤真菌主要属水平的影响
Table 1 Effects of wheat root exudates on the genus level of fungal in watermelon soil

属水平 Genus	处理 Treatment			
	NC	NR	WC	WR
丝壳属 <i>Kernia</i>	25.53±1.17a	26.10±1.27a	4.04±0.09c	7.17±0.27b
毛壳菌属 <i>Chaetomium</i>	8.91±0.85c	8.21±0.42c	14.92±0.71b	17.75±0.57a
假霉样真菌属 <i>Pseudallescheria</i>	5.58±0.45c	2.87±0.09d	10.80±0.28b	11.78±0.21a
镰刀菌属 <i>Fusarium</i>	2.76±0.07c	2.54±0.11c	16.06±0.47a	8.08±0.46b
枝顶孢属 <i>Acremonium</i>	5.58±0.23b	16.26±0.33a	1.55±0.17c	1.85±0.14c
腐质霉属 <i>Humicola</i>	3.76±0.24a	3.14±0.17b	5.71±0.26a	5.49±0.15a
油星壶菌属 <i>Olpidiaster</i>	0.02±0.02b	0.01±0.00b	6.47±1.36a	8.27±1.14a
被孢霉属 <i>Mortierella</i>	2.14±0.29b	0.88±0.03c	3.54±0.20a	3.91±0.23a
单孢菌属 <i>Monosporascus</i>	0.04±0.01c	0.01±0.00c	3.95±0.40b	4.66±0.06a
头孢菌属 <i>Cephalophora</i>	5.71±0.45a	0.70±0.04b	0.80±0.08b	0.70±0.07b
链格孢属 <i>Alternaria</i>	2.40±0.29a	2.34±0.18a	0.32±0.01c	1.99±0.22b
<i>Pseudaleuria</i>	2.26±0.12b	3.38±0.08a	0.36±0.05d	0.62±0.04c
柄孢壳菌属 <i>Podospora</i>	0.50±0.06c	0.77±0.06c	3.50±0.25a	1.27±0.05b
隐球菌属 <i>Cryptococcus</i>	2.19±0.27a	1.38±0.04b	0.81±0.06c	1.03±0.11bc
根囊壶菌属 <i>Rhizophlyctis</i>	2.00±0.04a	2.46±0.34a	0.22±0.07b	0.59±0.10b
曲霉属 <i>Aspergillus</i>	0.36±0.01b	0.39±0.02b	1.46±0.12a	1.30±0.10a
单格孢属 <i>Monodictys</i>	0.68±0.03b	2.01±0.22a	0.29±0.07c	0.42±0.04bc
嗜热真菌属 <i>Thermomyces</i>	0.05±0.01c	0.07±0.01c	1.59±0.08a	1.20±0.07b
嗜热链球菌属 <i>Mycothermus</i>	0.09±0.02b	0.07±0.01b	1.32±0.13a	1.18±0.05a

表中数据为平均数±标准差 (n=3)，同一行不同小写字母表示不同处理间属水平差异显著 ($P<0.05$)
The data in the table is the mean ± standard deviation (n=3), and the different lowercase letters in the same row indicate that the genus level of difference between the different treatments is significant ($P<0.05$)

2.2.4 对真菌 OTU 水平的影响 在 OTU 水平上，大部分的 OTUs (平均相对丰度>1%) 主要属于子囊菌门。在无西瓜苗的土壤中，在添加小麦根系分泌物的处理中属于 *Acremonium* 和 *Rhizophlyctis* 的 2 个 OTUs 的相对丰度较高；在没有添加小麦根系分泌物的处理中属于 *Cephalophora*、*Cryptococcus*、*Acremonium* 和 *Mortierella* 的 5 个 OTUs 相对丰度较高。在有西瓜苗的土壤中，添加小麦根系分泌物的处理中属于 *Chaetomium* 和 *Mortierella* 的 2 个 OTUs 的相对丰度较高 ($P<0.05$)；在没有添加小麦根系分泌物的处理中

属于 *Fusarium* 和 *Podospora* 的 3 个 OTUs 的相对丰度较高 (表 2)。

在所有处理中检测到 13 个 OTUs 属于尖孢镰刀菌属，3 个 OTUs 属于木霉菌属 (平均相对丰度>0.01%)。OTU168、OTU595、OTU327、OTU307、OTU917 和 OTU1129 分别属于 *F. solani*、*F. brachygybbosum*、*F. sp.*、*F. delphinoides* 和 *T. virens*。在尖孢镰刀菌属中，WC 处理中 OTU322、OTU168 和 OTU307 的相对丰度高于其他处理。在木霉菌属中，WC 处理中 OTU917 的相对丰度高于其他处理 (表 3)。

表 2 小麦根系分泌物对西瓜连作土壤真菌主要 OTU 水平的影响
Table 2 Effect of wheat root exudates on the OTU level of fungal in watermelon soil

OTU 编号 OTU ID	门水平 Phylum	属水平 Genus	相对丰度 Relative abundance (%)			
			NC	NR	WC	WR
OTU881	子囊菌门 Ascomycota	丝壳属 <i>Kernia</i>	22.45±1.40a	23.61±1.29a	2.25±0.10b	4.85±0.21b
OTU1011	子囊菌门 Ascomycota	毛壳菌属 <i>Chaetomium</i>	8.40±0.81c	7.73±0.38c	14.46±0.67b	17.32±0.59a
OTU925	子囊菌门 Ascomycota	假霉样真菌属 <i>Pseudallescheria</i>	5.55±0.45c	2.85±0.09d	10.79±0.29b	11.76±0.22a
OTU322	子囊菌门 Ascomycota	镰刀菌属 <i>Fusarium</i>	1.60±0.02c	1.09±0.03c	12.24±0.34a	5.26±0.42b
OTU221	子囊菌门 Ascomycota	腐质霉属 <i>Humicola</i>	3.65±0.22b	3.08±0.18b	5.63±0.27a	5.43±0.15a
OTU894	子囊菌门 Ascomycota	枝顶孢属 <i>Acremonium</i>	1.89±0.10b	13.50±0.43a	0.10±0.01c	0.18±0.03c
OTU20	壶菌门 Chytridiomycota	油星壶菌属 <i>Olpidiaster</i>	0.02±0.02b	0.01±0.00b	6.43±1.34a	8.22±1.13a
OTU225	子囊菌门 Ascomycota	单孢菌属 <i>Monosporascus</i>	0.03±0.01c	0.01±0.00c	3.93±0.40b	4.65±0.06a
OTU965	子囊菌门 Ascomycota	头孢菌属 <i>Cephalophora</i>	5.69±0.44a	0.68±0.04b	0.79±0.09b	0.49±0.08b
OTU168	子囊菌门 Ascomycota	镰刀菌属 <i>Fusarium</i>	0.93±0.04c	0.90±0.04c	3.19±0.08a	2.11±0.06b
OTU732	子囊菌门 Ascomycota	链格孢属 <i>Alternaria</i>	2.40±0.29a	2.33±0.18a	0.32±0.01b	1.98±0.22a
OTU774	子囊菌门 Ascomycota	柄孢壳菌属 <i>Podospora</i>	0.28±0.03c	0.43±0.04c	3.38±0.26a	1.13±0.03b
OTU320	接合菌门 Zygomycota	被孢霉属 <i>Mortierella</i>	0.86±0.08b	0.29±0.04c	2.04±0.18a	1.79±0.06a
OTU485	担子菌门 Basidiomycota	隐球菌属 <i>Cryptococcus</i>	1.80±0.21a	1.34±0.04b	0.77±0.05c	0.99±0.12bc
OTU663	子囊菌门 Ascomycota	<i>Pseudaleuria</i>	1.57±0.12b	2.86±0.08a	0.23±0.04c	0.22±0.03c
OTU422	壶菌门 Chytridiomycota	根囊壶菌属 <i>Rhizophlyctis</i>	1.22±0.04b	2.30±0.31a	0.03±0.01c	0.05±0.01c
OTU1100	子囊菌门 Ascomycota	枝顶孢属 <i>Acremonium</i>	1.47±0.13a	0.86±0.06b	0.50±0.05c	0.57±0.05c
OTU878	子囊菌门 Ascomycota	单格孢属 <i>Monodictys</i>	0.67±0.03b	2.01±0.22a	0.29±0.07c	0.42±0.04bc
OTU196	子囊菌门 Ascomycota	丝壳属 <i>Kernia</i>	1.03±0.15a	0.50±0.03c	0.77±0.04b	0.99±0.04ab
OTU910	子囊菌门 Ascomycota	丝壳属 <i>Kernia</i>	1.06±0.08a	0.73±0.07b	0.48±0.01c	0.70±0.04b
OTU277	接合菌门 Zygomycota	被孢霉属 <i>Mortierella</i>	0.71±0.11b	0.29±0.05c	0.82±0.03b	1.09±0.08a
OTU247	子囊菌门 Ascomycota	嗜热真菌属 <i>Thermomyces</i>	0.04±0.01c	0.05±0.00c	1.57±0.09a	1.18±0.07b
OTU1073	子囊菌门 Ascomycota	嗜热链球菌属 <i>Mycothermus</i>	0.09±0.02b	0.07±0.01b	1.32±0.13a	1.18±0.05a
OTU502	子囊菌门 Ascomycota	丝壳属 <i>Kernia</i>	0.69±0.01b	1.00±0.07a	0.38±0.02c	0.36±0.01c

表中数据为平均数±标准差 (n=3)，同一行不同小写字母表示不同处理间 OTU 差异显著 ($P<0.05$)
The data in the table is the mean ± standard deviation (n = 3), the different lowercase letters in the same row indicate that the OTU difference between different treatments is significant ($P<0.05$).

2.2.5 对真菌的 PCoA 分析 PCoA (Principal coordinates analysis) 结果表明不同处理中西瓜连作土壤的真菌群落存在差异(图 4)。在土壤真菌群落中 PC1 的贡献率为 85.86%，PC2 的贡献率为 8.43%。每个处理的 3 个重复聚在一起，说明真菌群落结构的样品重复较好。有苗处理(WC 和 WR)和无苗处理(NC 和 NR)在 PC1 上分开，相距较远。无苗处理和有苗处理中，小麦根系分泌物与去离子水(含 CaCl₂)处理在 PC2 上分开。说明外源添加小麦根系分泌物和有无西瓜苗的处理在土壤真菌群落组成上存在显著差异。

3 讨论

根系分泌物进入土壤后可以被土壤微生物快速的分解^[26]。因此，需要定期的将小麦根系分泌物施加到土壤中。根系分泌物对微生物在土壤中的分布具有重要的作用^[27]。在本研究中，小麦根系分泌物改变了西瓜连作土壤中真菌群落结构和多样性，这与之前的研究结果一致^[28]。无苗且添加小麦根系分泌物处理中真菌的菌群丰度最低，而有苗添加去离子水的处理中真菌的菌群丰度最高。表明小麦根系分泌物可以抑制真

表 3 小麦根系分泌物对西瓜连作土壤中尖孢镰刀菌属和木霉菌属群落结构的影响

Table 3 Effects of wheat root exudates on the community structure of *Fusarium* and *Trichoderma* spp. in watermelon soils

属水平 Genus	OTU 编号 OTU ID	处理 Treatment			
		NC	NR	WC	WR
镰刀菌属 <i>Fusarium</i> spp.	OTU322	1.60±0.02c	1.09±0.03c	12.24±0.34a	5.26±0.42b
	OTU168	0.93±0.04c	0.90±0.04c	3.19±0.08a	2.11±0.06b
	OTU827	0.08±0.02c	0.27±0.03a	0.17±0.03b	0.23±0.01ab
	OTU17	0.06±0.01c	0.09±0.01bc	0.11±0.01b	0.15±0.02a
	OTU843	0.03±0.00b	0.14±0.04a	0.10±0.01a	0.09±0.01ab
	OTU137	0.01±0.01b	0.00±0.00b	0.11±0.02a	0.07±0.02a
	OTU199	0.01±0.00b	0.02±0.01ab	0.05±0.02a	0.05±0.01ab
	OTU1116	0.01±0.01a	0.01±0.00a	0.05±0.03a	0.03±0.01a
	OTU595	0.01±0.01ab	0.01±0.01b	0.02±0.00ab	0.03±0.01a
	OTU71	0.01±0.00b	0.01±0.00b	0.01±0.01ab	0.04±0.02a
	OTU738	0.01±0.01a	0.00±0.00a	0.00±0.00a	0.00±0.00a
	OTU327	0.00±0.00a	0.00±0.00a	0.00±0.00a	0.01±0.01a
	OTU307	0.00±0.00b	0.00±0.00b	0.01±0.00a	0.00±0.00b
	OTU917	0.01±0.01c	0.00±0.00c	0.14±0.01a	0.09±0.03b
	OTU958	0.00±0.01b	0.01±0.00b	0.09±0.02a	0.08±0.04a
木霉属 <i>Trichoderma</i> spp.	OTU149	0.00±0.00b	0.00±0.00ab	0.01±0.00a	0.01±0.00ab

表中数据为平均数±标准差 (n=3)，同一行不同小写字母表示不同处理间尖孢镰刀菌属和木霉菌属的 OTU 差异显著 ($P<0.05$)
The data in the table are mean ± standard deviation (n = 3), and different lowercase letters in the same row indicate significant difference in OTU between *Fusarium* and *Trichoderma* spp. in different treatments ($P<0.05$)

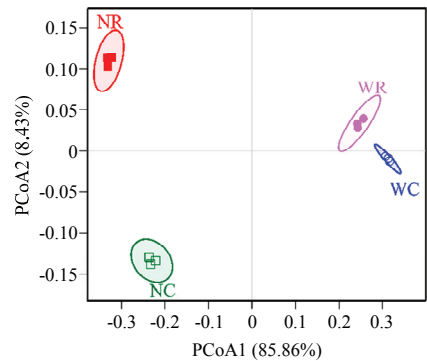


图 4 小麦根系分泌物对西瓜连作土壤真菌的主坐标分析 (PCoA)

Fig. 4 Effects of wheat root exudates on the principal coordinate analysis of fungi in watermelon soil

菌的丰度，而西瓜根系分泌物可以促进真菌的丰度，这是由于根系分泌物的成分不同造成的^[29]。无苗且添加小麦根系分泌物的处理中真菌群落的丰富度和多样性最低，而有西瓜苗的处理中真菌群落的丰富度和多样性较高，这可能是由于西瓜根系分泌物中的某些物

质可以诱发微生物增殖并在根际积累。

作物根系中的碳代谢物可以被土壤微生物同化，所以土壤微生物会受到碳资源的限制^[30]。在该项研究中，小麦根系分泌物增加了与纤维素降解相关物种的相对丰度，如 *Chaetomium*^[31]、*Acremonium*^[32]和 *Aspergillus*^[33]；但降低了有致病潜力的物种，如 *Fusarium*^[34]、*Humicola*^[35]和 *Mortierella*^[36]的相对丰度。研究表明，微生物与小麦根系分泌物的相互作用改变了真菌群落的结构和丰度，更有利于作物的生长^[37-38]。此外，小麦根系分泌物降低了 *Cephalophora*^[39]，*Podospora*^[26]和 *Cryptococcus*^[40]的相对丰度，它们具有促进植物生长和抑制植物病原体的作用。间作系统有较多的有益微生物和较少的病原微生物，并能引起微生物群落结构的变化^[41]。因此，小麦根系分泌物诱导的西瓜连作土壤中有益微生物的增加和病原微生物的减少可能是间作系统抑制土传病害的原因之一。

在许多生态系统中发现木霉菌是一种有益的真菌，它可以分泌各种化学物质来抑制病原真菌的生长^[13]。在本研究中，小麦根系分泌物增加了木霉菌属的多样性，并改变了其群落组成。与无苗处理相比，

有西瓜苗的处理中增加了木霉菌的丰度,并且添加小麦根系分泌物的处理中木霉菌的丰度更高。这些结果表明,小麦和西瓜的根系分泌物都可以促进木霉菌的丰度,但是在小麦和西瓜根系分泌物的共同作用下木霉菌的丰度最高。这是因为小麦和西瓜根系分泌物都对木霉菌属物种有促进作用^[42],且西瓜根系分泌物的某些成分可作为木霉菌的化学诱导剂^[43]。木霉菌属的许多菌株可以抑制植物病原体,减少植物病害的发生,并分泌针对真菌细胞壁的裂解酶^[44],比如, *Trichoderma koningii* 的生物防治活性可以控制小麦的全腐病^[45]。小麦根系分泌物引起的木霉菌属的变化可以单方面地解释间作对植物病害的抑制作用。

尖孢镰刀菌从根部伤口或从根毛顶端细胞间侵入,在维管束导管内生长发育,阻塞导管,影响水分输送,引起植株萎蔫和分泌毒素,干扰寄主代谢功能,使寄主中毒死亡^[46]。研究发现,水稻根系分泌物可以抑制尖孢镰刀菌孢子的萌发和生长,增强了西瓜对尖孢镰刀菌的抗性^[47]。本研究发现,与无苗处理相比,有苗处理降低了尖孢镰刀菌的丰度,并且在添加小麦根系分泌物的处理中尖孢镰刀菌的丰度最低,在添加去离子水的处理中西瓜专化型尖孢镰刀菌的菌群丰度最高。这些结果表明,西瓜根系分泌物对尖孢镰刀菌有促进作用,而小麦根系分泌物对尖孢镰刀菌有抑制作用。此外,小麦根系分泌物降低了 *Fusarium solani* 和 *Fusarium delphinoides* 的相对丰度,它们二者都是植物病原体,可以在多种植物上引发各种疾病^[18,48]。这些结果表明,小麦根系分泌物可以抑制植物病原菌。

4 结论

小麦和西瓜根系分泌物改变了总真菌、木霉菌和尖孢镰刀菌的群落组成。小麦根系分泌物降低了土壤中真菌、尖孢镰刀菌和西瓜专化型尖孢镰刀菌的菌群丰度,增加了木霉菌的菌群丰度,且有西瓜苗添加小麦根系分泌物处理中木霉菌的丰度最高,尖孢镰刀菌的丰度最低;而西瓜根系分泌物与之相反。说明在西瓜和小麦根系分泌物的共同作用下对有益微生物的扩繁作用和对有致病潜力的微生物抑制作用最大。小麦根系分泌物诱导的西瓜连作土壤中真菌群落的变化是小麦/西瓜减缓西瓜病害的原因之一。

References

- [1] 张晓晓. 小麦伴生对西瓜枯萎病和根际土壤微生物的影响[D]. 哈尔滨: 东北农业大学, 2017.

- ZHANG X X. Effect of watermelon with companion wheat on *Fusarium wilt* of watermelon and soil microorganism [D]. Harbin: Northeast Agricultural University, 2017. (in Chinese)
- [2] MA Y Q. Allelopathic studies of common wheat (*Triticum aestivum* L.). *Weed Biology and Management*, 2005, 5(3): 93-104.
- [3] LV H F, CAO H S, NAWAZ M A, SOHAIL H, HUANG Y, CHENG F, KONG Q S, BIE Z L. Wheat intercropping enhances the resistance of watermelon to *Fusarium wilt*. *Frontiers in Plant Science*, 2018, 9: 696.
- [4] LI C X, FU X P, ZHOU X G, LIU S W, XIA Y, LI N H, ZHANG X X, WU F Z. Treatment with wheat root exudates and soil microorganisms from wheat/watermelon companion cropping can induce watermelon disease resistance against *Fusarium oxysporum* f. sp. *niveum*. *Plant Disease*, 2019: PDIS08181387RE.
- [5] LI X G, DING C F, HUA K, ZHANG T L, ZHANG Y N, ZHAO L, YANG Y R, 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. *Soil Biology & Biochemistry*, 2014, 78: 149-159.
- [6] PATERSON E, GEBBING T, ABEL C, SIM A, TELFER G. Rhizodeposition shapes rhizosphere microbial community structure in organic soil. *New Phytologist*, 2007, 173(3): 600-610.
- [7] 郝文雅, 冉炜, 沈其荣, 任丽轩. 西瓜、水稻根分泌物及酚酸类物质对西瓜专化型尖孢镰刀菌的影响. *中国农业科学*, 2010, 43(12): 2443-2452.
- HAO W Y, RAN W, SHEN Q R, REN L X. Effects of root exudates from watermelon, rice plants and phenolic acids on *Fusarium oxysporum* f. sp. *niveum*. *Scientia Agricultura Sinica*, 2010, 43(12): 2443-2452. (in Chinese)
- [8] BAIS H P, WEIR T L, PERRY L G, GILROY S, VIVANCO J M. The role of root exudates in rhizosphere interactions with plants and other organisms. *Annual Review of Plant Biology*, 2006, 57: 233-266.
- [9] XU W H, WU F Z, CHANG C L, LIU S W, ZHOU Y. Effects of wheat as companion cropping on growth, soil enzymes and disease resistance of watermelon. *Allelopathy Journal*, 2013, 32(2): 267-278.
- [10] ZHANG H, MALLIK A, ZENG R S. Control of panama disease of banana by rotating and intercropping with Chinese Chive (*Allium tuberosum* Rottler): Role of plant volatiles. *Journal of Chemical Ecology*, 2013, 39(2): 243-252.
- [11] ZHOU X G, LIU J, WU F Z. Soil microbial communities in cucumber monoculture and rotation systems and their feedback effects on cucumber seedling growth. *Plant and Soil*, 2017, 415(1/2): 507-520.
- [12] CHRISTOPHER D J, RAJ T S, RANI S U, UDHAYAKUMAR R.

- Role of defense enzymes activity in tomato as induced by *Trichoderma virens* against *Fusarium wilt* caused by *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici*. *Journal of Biopesticides*, 2010, 3(1): 158-162.
- [13] HARMAN G E. Overview of mechanisms and uses of *Trichoderma* spp. *Phytopathology*, 2006, 96(2): 190-194.
- [14] PIETERSE C M J, ZAMIOUDIS C, BERENDSEN R L, WELLER D M, WEES S C M V, BAKKER P A H M. Induced systemic resistance by beneficial microbes. *Annual Review of Phytopathology*, 2014, 52(52): 347-375.
- [15] KOMY M H E L, SALEH A A, ERANTHODI A, MOLAN Y Y. Characterization of novel *Trichoderma asperellum* isolates to select effective biocontrol agents against tomato *Fusarium wilt*. *Plant Pathology Journal*, 2015, 31(1): 50-60.
- [16] MA L J, GEISER D M, PROCTOR R H, ROONEY A P, O'DONNELL K, TRAIL F, GARDINER D M, MANNERS J M, KAZAN K. *Fusarium* pathogenomics. *Annual Review of Microbiology*, 2013, 67(1): 399-416.
- [17] XU W H, LIU D, WU F Z, LIU S W. Root exudates of wheat are involved in suppression of *Fusarium wilt* in watermelon in watermelon-wheat companion cropping. *European Journal of Plant Pathology*, 2015, 141(1): 209-216.
- [18] REN L X, HUO H W, ZHANG F, HAO W Y, XIAO L, DONG C X, XU G H. The components of rice and watermelon root exudates and their effects on pathogenic fungus and watermelon defense. *Plant Signaling & Behavior*, 2016, 11: e1187357.
- [19] XU W H, WANG Z G, WU F Z. The effect of D123 wheat as a companion crop on soil enzyme activities, microbial biomass and microbial communities in the rhizosphere of watermelon. *Frontiers in Microbiology*, 2015, 6: 899.
- [20] LI H Y, ZHOU X G, WU F Z. Effects of root exudates from potato onion on *Verticillium dahliae*. *Allelopathy Journal*, 2018, 43(2): 217-222.
- [21] FU X P, WU X, ZHOU X G, LIU S W, SHEN Y H, WU F Z. Companion cropping with potato onion enhances the disease resistance of tomato against *Verticillium dahliae*. *Frontiers in Plant Science*, 2015, 6: 726.
- [22] OP DE BEECK M O, LIEVENS B, BUSSCHAERT P, DECLERCK S, VANGRONSVELD J, COLPAERT J V. Comparison and validation of some ITS primer pairs useful for fungal metabarcoding studies. *PLoS ONE*, 2014, 9(6): 1-11.
- [23] HAGN A, WALLISCH S, RADL V, MUNCH J C, SCHLOTER M. A new cultivation independent approach to detect and monitor common *Trichoderma* species in soils. *Journal of Microbiological Methods*, 2007, 69(1): 86-92.
- [24] LIN Y H, CHEN K S, CHANG J Y, WAN Y L, HSU C C, HUANG J W, CHANG P F L. Development of the molecular methods for rapid detection and differentiation of *Fusarium oxysporum* and *F. oxysporum* f. sp. *niveum* in Taiwan. *New Biotechnology*, 2010, 27(4): 409-418.
- [25] LEMONS A R, BARNES C S, GREEN B J. Comparative analysis of sanger and Illumina Miseq sequencing for determining indoor fungal diversity. *Journal of Allergy and Clinical Immunology*, 2017, 139(2): AB86.
- [26] SAUPE S J, CLAVE C, BEGUERET J. Vegetative incompatibility in filamentous fungi: *Podospora* and *Neurospora* provide some clues. *Current Opinion in Microbiology*, 2000, 3(6): 608-612.
- [27] BERTIN C, YANG X H, WESTON L A. The role of root exudates and allelochemicals in the rhizosphere. *Plant and Soil*, 2003, 256(1): 67-83.
- [28] BROECKLING C D, BROZ A K, BERGELSON J, MANTER D K, VIVANCO J M. Root exudates regulate soil fungal community composition and diversity. *Applied and Environmental Microbiology*, 2008, 74(3): 738-744.
- [29] HAO W Y, REN L X, RAN W, SHEN Q R. Allelopathic effects of root exudates from watermelon and rice plants on *Fusarium oxysporum* f. sp. *niveum*. *Plant and Soil*, 2010, 336(1/2): 485-497.
- [30] GUYONNET J P, CANTAREL A A M, SIMON L, HAICHAR F E Z. Root exudation rate as functional trait involved in plant nutrient-use strategy classification. *Ecology & Evolution*, 2018, 8(16): 8573-8581.
- [31] HODGE A, ROBINSON D, FITTER A. Are microorganisms more effective than plants at competing for nitrogen? *Trends in Plant Science*, 2000, 5(7): 304-308.
- [32] EO J, PARK K C, KIM M H. Plant-specific effects of sunn hemp (*Crotalaria juncea*) and sudex (*Sorghum bicolor* × *Sorghum bicolor* var. *sudanense*) on the abundance and composition of soil microbial community. *Agriculture Ecosystems & Environment*, 2015, 213: 86-93.
- [33] PURNAK T, BEYAZIT Y, SAHIN G O, SHORBAGI A, AKOVA M. A novel fungal pathogen under the spotlight-Acremonium spp. associated fungemia in an immunocompetent host. *Mycoses*, 2011, 54(1): 78-80.
- [34] GLARE T R, GARTRELL B D, BROOKES J J, PERROTT J K. Isolation and identification of *Aspergillus* spp. from Brown Kiwi (*Apteryx mantelli*) nocturnal houses in New Zealand. *Avian Diseases*, 2014, 58(1): 16-24.
- [35] GUILHERNETTI E, TAKAHACHI G, SHINOBU C S, ESTIVALET

- SVIDZINSKI T I. *Fusarium* spp. as agents of onychomycosis in immunocompetent hosts. *International Journal of Dermatology*, 2007, 46(8): 822-826.
- [36] DAO T H. Sorption and mineralization of plant phenolic acids in soil. *Acs Symposium*, 1987, 190(1): 358-370.
- [37] HU L F, ROBERT C A M, CADOT S, ZHANG X, YE M, LI B B, MANZO D, CHERVET N, STEINGER T, VAN DER HEIJDEN M G A, SCHLAEPI K, ERB M. Root exudate metabolites drive plant-soil feedbacks on growth and defense by shaping the rhizosphere microbiota. *Nature Communications*, 2018, 9(1): 1-13.
- [38] INDERJIT. Soil microorganisms: An important determinant of allelopathic activity. *Plant and Soil*, 2005, 274(1/2): 227-236.
- [39] ZWETSLOOT M J, KESSLER A, BAUERLE T L. Phenolic root exudate and tissue compounds vary widely among temperate forest tree species and have contrasting effects on soil microbial respiration. *New Phytologist*, 2018, 218(2): 530-541.
- [40] HANSEN K, PERRY B A, DRANGINIS A W, PFISTER D H. A phylogeny of the highly diverse cup-fungus family Pyrenomataceae (Pezizomycetes, Ascomycota) clarifies relationships and evolution of selected life history traits. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 2013, 67(2): 311-335.
- [41] IKEDA R, SUGITA T, SHINODA T. Serological relationships of *Cryptococcus* spp.: Distribution of antigenic factors in *Cryptococcus* and intraspecies diversity. *Journal of Clinical Microbiology*, 2000, 38(11): 4021-4025.
- [42] ZHAO Y P, LIN S, CHU L X, GAO J T, AZEEM S, LIN W X. Insight into structure dynamics of soil microbiota mediated by the richness of replanted *Pseudostellaria heterophylla*. *Scientific Reports*, 2016, 6: 1-9.
- [43] LOMBARDI N, VITALE S, TURRÀ D, REVERBERI M, FANELLI C, VINALE F, MARRA R, RUOCCO M, PASCALE A, D'ERRICO G, WOO S L, LORITO M. Root exudates of stressed plants stimulate and attract *Trichoderma* soil fungi. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, 2018, 31(10): 982-994.
- [44] WOO S L, PEPE O. Microbial consortia: promising probiotics as plant biostimulants for sustainable agriculture. *Frontiers in Plant Science*, 2018, 9: 1801.
- [45] HERMOSA R, VITERBO A, CHET I, MONTE E. Plant-beneficial effects of *Trichoderma* and of its genes. *Microbiology*, 2012, 158(1): 17-25.
- [46] GHORBANI R, WILCOCKSON S, KOOCHEKI A, LEIFERT C. Soil management for sustainable crop disease control: A review. *Environmental Chemistry Letters*, 2008, 6(3): 149-162.
- [47] BORGES R C F, MACEDO M A, CABRAL C S, ROSSATO M, FONTES M G, SANTOS M D M, FERREIRA M A, FONSECA M E N, REIS A, BOITEUX L S. Vascular wilt of teak (*Tectona grandis*) caused by *Fusarium oxysporum* in Brazil. *Phytopathologia Mediterranea*, 2018, 57(1): 115-121.
- [48] HAFIZI R, SALLEH B, LATIFFAH Z. Morphological and molecular characterization of *Fusarium solani* and *F. oxysporum* associated with crown disease of oil palm. *Brazilian Journal of Microbiology*, 2013, 44(3): 959-968.

(责任编辑 赵伶俐)