

程俊松, 彭春霞, 陈金丽, 等. 淹水胁迫下葡萄根际细菌群落结构变化[J]. 华中农业大学学报, 2024, 43(5): 98-105.  
DOI: 10.13300/j.cnki.hnlkxb.2024.05.011

## 淹水胁迫下葡萄根际细菌群落结构变化

程俊松<sup>1,2</sup>, 彭春霞<sup>1</sup>, 陈金丽<sup>1</sup>, 曾兴莹<sup>1</sup>, 彭言劼<sup>1,3,4</sup>, 宋春草<sup>1</sup>

1. 乐山师范学院生命科学学院, 乐山 614000; 2. 四川省林学会, 成都 610081;  
3. 峨眉山生物多样性保护与利用研究所, 乐山 614000; 4. 大渡河流域特色水果博士工作站, 乐山 614904

**摘要** 为探讨根际细菌和葡萄耐涝性的关系, 采用盆栽淹水法, 对1年生巨峰葡萄扦插苗进行淹水胁迫 21 d 以及淹水后恢复 7 d 的处理, 运用 16S rRNA 高通量测序技术对土壤细菌进行测序, 分析其细菌群落组成和结构, 探究淹水胁迫对巨峰葡萄根际细菌群落结构组成的影响。结果显示: 淹水 21 d 巨峰葡萄根际细菌的丰度最高, 淹水 14 d 巨峰葡萄的根际细菌多样性最高; 胁迫后恢复期间, 硫杆菌属 (*Thiobacillus*) 相对丰度显著增加; 根系细菌功能预测分析显示脂质、萜类和聚酮类化合物代谢有显著变化。结果表明, 短期淹水胁迫促进植物产生代谢物改变细菌群落以应对逆境胁迫, 但长时间淹水使植物代谢发生紊乱, 导致潜在有害细菌类群的丰度增加, 植物有益菌群减少。

**关键词** 葡萄; 根际细菌; 细菌群落; 淹水胁迫; 高通量测序

**中图分类号** S 663.1 **文献标识码** A **文章编号** 1000-2421(2024)05-0098-08

葡萄 (*Vitis L.*) 是世界上最重要的果树之一, 栽培历史悠久<sup>[1]</sup>。改革开放以来, 我国葡萄产业发展迅速, 鲜食葡萄产量和栽培面积位于世界前列, 满足人们对美好生活向往的需求, 助力乡村振兴和精准扶贫<sup>[2]</sup>。巨峰葡萄 (*Vitis labrusca* × *Vitis vinifera* 'Kyoho') 原产日本, 亲本是大粒康拜尔和森田尼, 是我国栽培面积最广的葡萄品种<sup>[3]</sup>。巨峰葡萄具有适应性强、抗病耐寒、易管理等特点, 其果实色泽艳丽、口感丰富、营养价值高, 深受果农和消费者的喜爱。

我国地处亚洲东部, 夏季高温多雨, 近几年暴雨肆虐东亚, 洪涝灾害已经是农业生产上不可小视的灾害之一。2021年我国多地遭遇罕见暴雨暴风, 加上部分葡萄园区的排灌系统不良, 造成了不可估量的经济损失<sup>[4]</sup>。研究发现, 在淹水胁迫下植物会通过自身的生长和生理特性来适应逆境, 如新梢生长量降低、光合能力降低、有机物合成受阻等<sup>[5]</sup>。植物也会采用多种防御机制来降低淹水胁迫对自身造成的损伤, 如诱发不定根、形成通气组织、加强茎叶伸长生长以保障气体交换、启动抗氧化响应系统、诱导积累渗透调节物质、改变呼吸代谢途径等, 以适应水淹逆境<sup>[6]</sup>。

微生物根据形态和结构可分为细菌、放线菌、真菌、藻类和原生动物 5 种。淹水胁迫导致土壤处于缺氧或无氧的环境中, 影响了土壤中的微生物群落, 使得细菌成为主要的优势种群<sup>[7]</sup>。除通过自身响应淹水胁迫外, 植物根系能通过调节土壤细菌的组成来提高自身的抗逆性。比如在野燕麦发育过程中, 土壤微生物对根系分泌物 (如氨基酸) 存在偏好性, 某些代谢物有调节剂的功能, 如水杨酸使植物产生抗性, 从而抑制有害微生物<sup>[7]</sup>。植物与细菌相互作用的过程中, 死亡或者脱落的植物组织能改善根际土壤的理化性质; 根系的分泌物可为细菌的生长提供有利条件<sup>[8]</sup>。根际细菌的活动也能对植物造成较大的影响。植物生长促进型根际细菌 (plant growth promoting rhizobacteria, PGPR) 通过多种作用机制参与植物的抗逆性调控<sup>[9]</sup>, 如在盐碱胁迫下, 根际细菌可通过调节根系的离子稳态等过程改善植物抗逆性<sup>[10]</sup>。

许多细菌都具备参与调控植物耐涝性的可能, 本研究以巨峰葡萄为试材, 通过盆栽试验法模拟淹水情况, 运用 16S rRNA 高通量测序分析淹水胁迫下巨峰葡萄根际细菌群落结构和组成的差异, 探讨巨

收稿日期: 2023-12-01

基金项目: 四川省科技计划项目 (2023NSFSC1164); 乐山师范学院高层次人才科研启动项目 (RC202005)

程俊松, E-mail: 2433295364@qq.com

通信作者: 彭言劼, E-mail: 309890524@qq.com

峰葡萄根际细菌和耐涝性的关系,旨在为根际细菌在农业生产实践中的应用和推广提供理论依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 供试材料

以四川省乐山市夹江县新生村葡萄农场的4年生巨峰葡萄为供试材料。试验地点位于四川省乐山市乐山师范学院(103°44'58"E,29°33'34"N)致远楼附近的大棚内,海拔344.6 m。土壤类型为紫色冲积土,pH 6.0,有机质含量15.12 g/kg,速效氮含量125.38 g/kg,有效磷含量36.65 g/kg,速效钾含量160.82 g/kg。

### 1.2 试验设计

于2020年12月,收集巨峰葡萄生长健壮的1年生枝条沙藏,2021年3月修剪成长约为15 cm的插穗,仅保留1个顶芽。将土壤平均分装到各个24 cm×22 cm的塑料培养盆,把巨峰葡萄枝条扦插移栽到盆中,根系处于距土表10~15 cm处,进行正常栽培管理。选择12盆正常生长到8片展开叶、长势良好、生长旺盛的巨峰葡萄为试验材料,随机选择3盆做正常浇水的对照组,剩余9盆分别放入3个70 cm×49 cm×38 cm的塑料水箱中进行为期21 d的淹水胁迫,淹水期间保证水面位于盆沿之上3 cm,定期补水到线。分别在第0、14、21天和恢复7 d后的第28天进行根际土采样,采样方法参照云鹏<sup>[11]</sup>的抖根法但进行了一定的改进,用75%乙醇给锡纸消毒,取出植物根系,把大土块剥落,根系在锡纸上抖动,抖落的土为根际土,用药匙将根际土放入无菌离心管中,分别记为对照组 K0R (Kyoho-flooded for 0 day-rhizosphere soil)、淹水组, K14R (Kyoho-flooded for 14 day-rhizosphere soil) 和 K21R (Kyoho-flooded for 14 day-rhizosphere soil)、恢复组 K28R (Kyoho-drainage and recovered for 7 days after flooded for 21 days-rhizosphere soil);并在14 d时取培养盆中部无根区域的土(根外土)记为淹水组 K14B (Kyoho-flooded for 14 days-bulk soil),取出的土样装入离心管,并放入液氮中低温冷冻。样品委托北京擎科生物科技股份有限公司使用16S rRNA高通量测序技术对土壤细菌进行测序与分析。另外,于第28天准备4盆巨峰葡萄淹水处理21 d、恢复7 d,观测其长势和存活率。

### 1.3 测定指标与方法

采用Omega Bio-tek公司(Norcross, GA, U.S.)

的E.Z.N.A.® Soil DNA Kit试剂盒提取巨峰葡萄根际细菌的总DNA。随后,通过1%的琼脂糖凝胶电泳和Nanodrop 2000分光光度计对提取的DNA进行浓度和纯度的测定<sup>[12]</sup>。以提取的DNA作为模板,利用引物338F(序列为5'-ACTCCTACGGGAG-GCAGCAG-3')和806R(序列为5'-GGA CTACH-VGGGTWTCTAAT-3')对土壤细菌的16S rRNA基因V3~V4区进行PCR扩增。最终,利用Illumina公司的MiSeq PE300平台进行测序分析。

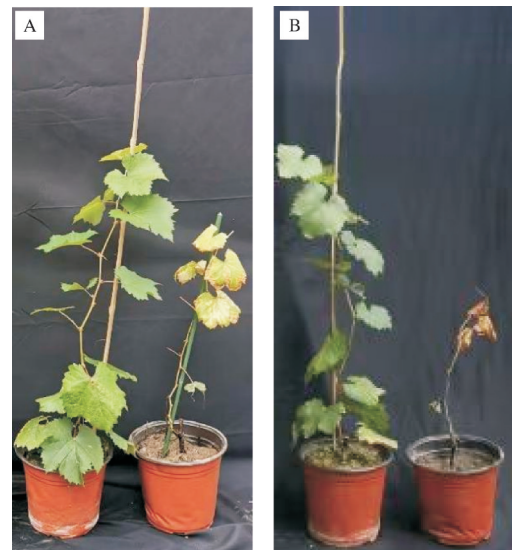
### 1.4 数据处理与分析

使用QIIME软件处理原始序列数据<sup>[13]</sup>,进行操作单元(operational taxonomic units, OTUs)的聚类分析<sup>[14]</sup>,计算Alpha多样性指数并进行分析,通过主坐标分析进行Beta多样性分析,使用PICRUST2软件推测样本中细菌的功能基因组<sup>[15]</sup>。

## 2 结果与分析

### 2.1 淹水胁迫下巨峰葡萄的形态变化

如图1所示,淹水期间,对照组生长旺盛,葡萄未出现叶片黄化以及脱落的现象;淹水组葡萄叶片大量脱落,生长受到抑制,没有死亡,但在排水恢复期间,淹水组葡萄大量死亡,存活率仅为25%。经过21 d淹水胁迫和7 d排水恢复,淹水组形态发生了明显的变化,叶片受害程度严重,几乎完全黄化,甚至



A: 淹水第21天; B: 排水恢复第7天. 盆中材料从左至右分别为‘巨峰’-对照和‘巨峰’-淹水。A: 21st day after flooding; B: 7th day after drainage restoration. From left to right of the plant material are Kyoho- control and Kyoho - flooding.

图1 巨峰葡萄对淹水胁迫的响应

Fig.1 Response of Kyoho to waterlogging stress



### 2.4 淹水胁迫对巨峰葡萄土壤细菌群落β多样性的影响

图3显示,4组处理中,K0R与其他3组细菌群落结构差异较大。除K0R外,其余3个处理分别在不同的象限,说明淹水胁迫显著改变了根际细菌群落结构,淹水胁迫后进行恢复处理也无法使根际细菌群

落结构恢复到K0R的水平。K0R与K21R距离最远,说明淹水时间越长,根际细菌群落结构的差异越大。从图3B可以看出,K14R和K14B相隔较远,说明2组的群落组成有较大的差异。说明根系对淹水土壤中细菌的群落组成有较大影响。

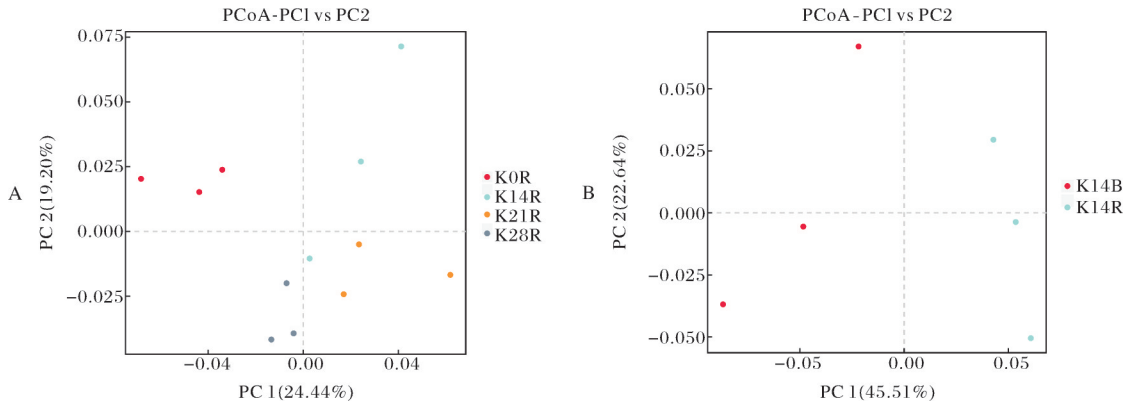


图3 巨峰葡萄根际细菌群落(A)、淹水胁迫下巨峰葡萄根际和根外细菌群落PCoA分析(B)

Fig.3 PCoA analysis of rhizosphere bacterial community in Kyoho grape(A), PCoA analysis of rhizosphere and extra-root bacterial communities in Kyoho grape under waterlogging stress(B)

### 2.5 淹水胁迫对巨峰根际细菌群落组成的影响

由图4可见,最优势菌门始终是变形菌门(Proteobacteria),相对丰度为33.83%~49.12%,其他各菌门的相对丰度大小依次为:酸杆菌门(Acidobacteria, 12.72%)、绿弯菌门(Chloroflexi, 11.80%)、芽单胞菌门(Gemmatimonadetes, 8.23%)、放线菌门(Actinobacteria, 6.72%)、厚壁菌门(Firmicutes, 6.27%)、拟杆菌门(Bacteroidetes, 3.76%)、Latescibacteria(2.21%)、浮霉菌门(Planctomycetes, 1.78%)、棒状杆菌门(Rokubacteria, 1.64%)。K0R和淹水组(K14R、K21R)变形菌门分别减少1.47%、4.56%,说明淹水胁迫对变形菌门的生长有抑制作用。K14R和K21R的厚壁菌门、拟杆菌门、Latescibacteria、浮霉菌门相对丰度高于K0R,淹水胁迫对这些菌门相对丰度有促进作用。占比最高的变形菌门在K21R与K28R中极显著增加了15.29%( $P<0.01$ ),说明淹水胁迫后的恢复处理对变形菌门细菌有促进作用。

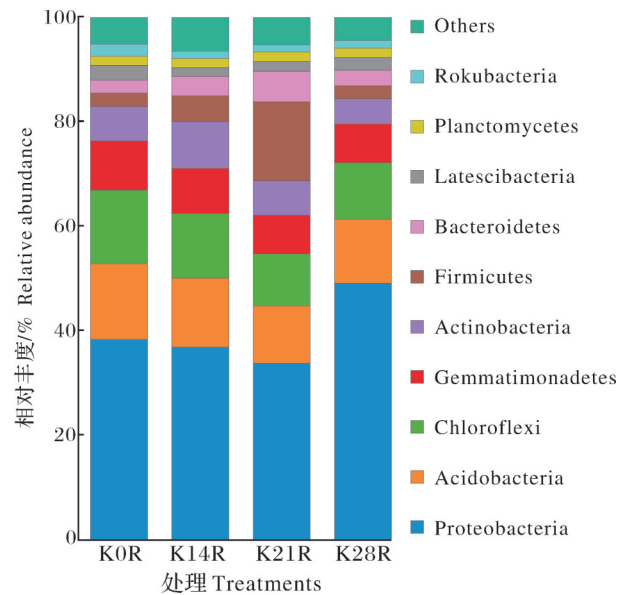


图4 巨峰葡萄根际细菌门水平群落结构

Fig.4 Horizontal community structure of rhizosphere bacterial phylum in Kyoho grape

### 2.6 巨峰根际细菌群落的LEfse分析

LEfse分析(LDA>4.0)结果显示,从门到属水平,共有10个物种间存在显著差异,共有2纲、2目、2科、2属、2种(图5A)。其中K28R存在组间显著差异的个数最多,有8个;K21R最少,有2个。属水平(图5B),硫杆菌属(*Thiobacillus*)在K21R的相对丰度显著低于K28R( $P<0.05$ )。

### 2.7 巨峰葡萄根际细菌功能基因预测分析

K0R和K14R根际细菌的糖代谢功能基因差异显著( $P<0.05$ ),K14R根际细菌的糖代谢水平显著上升(图6A)。K0R和K28R根际细菌的细胞运动、免疫系统、细菌传染病、信号传导、内分泌和代谢疾病的功能基因差异显著( $P<0.05$ )(图6B)。K28R根际细菌的细胞运动、免疫系统、细菌传染病、信号传

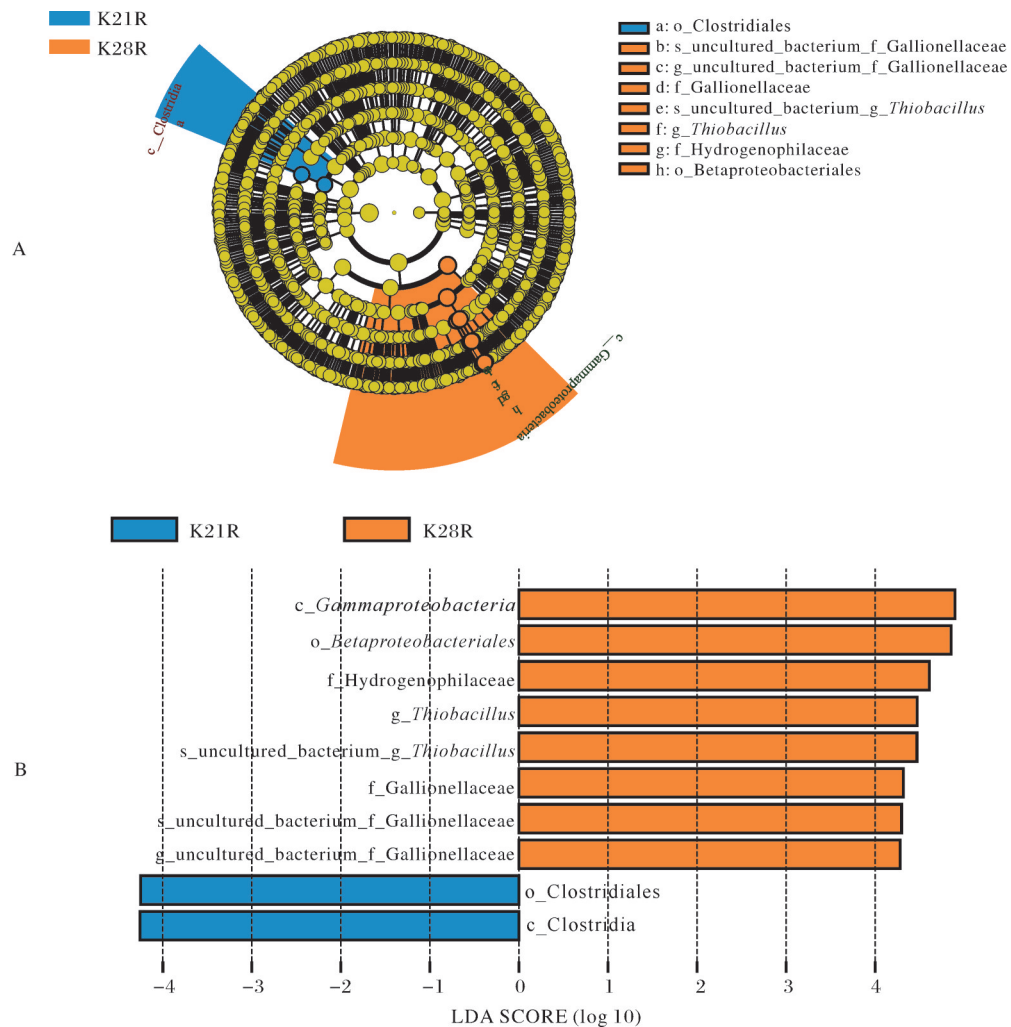


图5 淹水胁迫和恢复期间, 差异物种的进化分枝图(A)和LDA分布情况(B)

Fig.5 Evolutionary branching diagram (A) and LDA distribution (B) of different species in each group during waterlogging stress and recovery

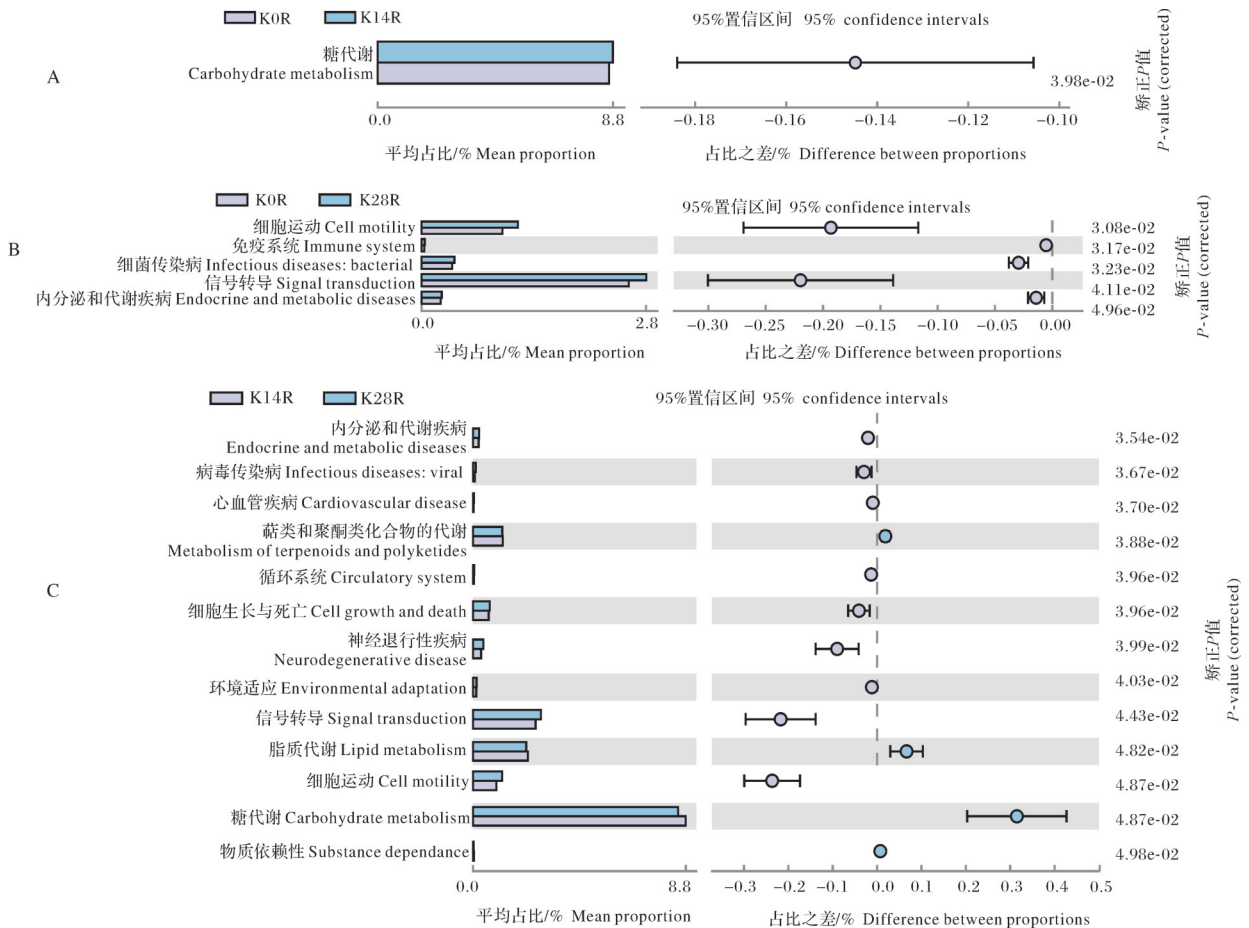
导、内分泌和代谢疾病功能基因显著上升。K14R和K28R根际细菌的萜类和聚酮类化合物的代谢、循环系统、细胞生长与死亡、神经退行性疾病、环境适应、信号转导、脂质代谢、细胞移动性、糖代谢、物质依赖功能基因差异显著( $P < 0.05$ ) (图6C)。其中K28R根际细菌的内分泌代谢疾病、病毒传染病、循环系统、细胞生长与死亡、神经退行性疾病、环境适应、信号转导、细胞移动性功能基因显著增加; 萜类和聚酮类化合物的代谢、脂质代谢、糖代谢和物质依赖性功能基因显著降低。

### 3 讨论

高彦婷等<sup>[16]</sup>研究发现, 水分胁迫使葡萄根际细菌群落OTUs、丰度指数和多样性提高, 且水分胁迫对细菌群落结构的影响都具有一定的滞后性和延续

性。研究发现, 在淹水胁迫下植物根际细菌群落OTUs增大, 丰度增大, 多样性指数先增后降。这可能是由于某种菌群(如厚壁菌门)大量繁殖, 导致其特定菌群丰度升高<sup>[17]</sup>。刘璐等<sup>[18]</sup>研究发现细菌丰度与多样性变化不一致。本研究中根际土壤细菌的丰富度高于根外土壤, 随着淹水胁迫的持续, 根际细菌群落的多样性逐渐增加, 生态功能不断增强, 这更有利于植物抵御不良环境<sup>[19]</sup>。研究表明, 变形菌门始终为最优势菌门, 与前人的研究一致<sup>[20]</sup>。

高敏敏等<sup>[17]</sup>研究发现灰化藁草和藜草淹水胁迫后期, 植物代谢受到严重抑制, 无法产生足够的营养物质来满足细菌的生长需要, 此时, 有害细菌可以大量生长繁殖、产生有毒物质, 加重对植物的伤害。本研究发现巨峰葡萄耐涝能力较差, 在淹水21 d未死亡, 淹水后恢复期间, 巨峰葡萄大量死亡, 而硫杆菌



A: K0R 与 K14R 根际细菌基因功能差异分析 Functional difference analysis of bacterial community of K0R and K14R rhizosphere bacteria genes; B: K0R 与 K28R 根际细菌基因功能差异分析 Functional difference analysis of bacterial community of K0R and K28R rhizosphere bacteria genes; C: K14R 与 K28R 根际细菌基因功能差异分析 Functional difference analysis of bacterial community of K14R and K28R rhizosphere bacteria genes.

图6 巨峰葡萄细菌群落功能差异分析

Fig.6 Functional difference analysis of rhizosphere bacterial community in Kyoho grape

属在恢复组(K28R)显著增加。有研究表明硫杆菌属会产生有毒物质(H<sub>2</sub>S),对植物根系产生毒害作用<sup>[21]</sup>。

植物主要通过地下碳沉积促进根系相关的微生物繁衍并募集特定微生物类群,而这些被招募的微生物会通过共生或致病的方式影响植物生长<sup>[22]</sup>。研究发现巨峰葡萄根系细菌糖类、脂质、萜类和聚酮类等代谢在淹水胁迫或胁迫恢复期间发生显著的变化。在淹水胁迫14 d 根际细菌群落的糖代谢物显著增加,植物根系通过碳水化合物招募细菌抵御非生物胁迫,在淹水后恢复期间,根系活性不足,细菌糖代谢物显著减少。本研究发现 K28R 根际细菌比 K14R 根际细菌中萜类和聚酮类化合物显著减少,可能在增强植物对病原菌的防护上有着重要作用<sup>[23]</sup>。此外脂质作为植物的活性物质、结构物质和信号分

子在逆境胁迫下具有重要的调控和保护作用<sup>[7]</sup>。本研究淹水后恢复期间,脂质代谢物显著减少,可能由于长期淹水胁迫造成结构被破坏,这可能与响应淹水胁迫有关。表明脂质、萜类和聚酮类等代谢物在调控巨峰葡萄响应淹水胁迫的过程中,行使了一定的生物学功能。解析淹水胁迫下根际微生物表达调控和抗淹水的机制,对了解植物在水淹环境下的适应能力具有十分重要的科学价值。

本研究表明淹水胁迫影响了巨峰葡萄根际细菌的群落结构,短期淹水胁迫使根际细菌代谢物发生改变以应对逆境胁迫;但长时间淹水使植物代谢发生紊乱,导致潜在有害细菌类群的丰度增加,植物有益菌群减少。在淹水胁迫恢复后,硫杆菌属细菌显著增加,其分泌产物对植物响应淹水胁迫有不利影响。淹水胁迫导致根际细菌糖代谢物显著增加,胁迫

迫后恢复根际细菌糖类、脂质、萜类和聚酮类等化合物显著减少。脂质、萜类和聚酮类等化合物可能与植物抗氧化、抗渗透等功能显著相关。

### 参考文献 References

- [1] 温鹏飞. 葡萄的起源与传播[J]. 农产品加工, 2008(10): 12-14. WEN P F. The origin and spread of grape[J]. Farm products processing, 2008(10): 12-14 (in Chinese).
- [2] 刘俊, 晁无疾, 亓桂梅, 等. 蓬勃发展的中国葡萄产业[J]. 中外葡萄与葡萄酒, 2020(1): 1-8. LIU J, CHAO W J, QI G M, et al. Booming development of Chinese grape industry[J]. Sino-overseas grapevine & wine, 2020(1): 1-8 (in Chinese with English abstract).
- [3] 施平丽. 配方施肥对巨峰葡萄园土壤理化性质及果实品质的影响研究[D]. 雅安: 四川农业大学, 2017. SHI P L. Effects of formulated fertilization on soil physical and chemical properties and fruit quality in jufeng grape orchard[D]. Yaan: Sichuan Agricultural University, 2017 (in Chinese with English abstract).
- [4] 胡禧熙, 王迪, 徐慧春, 等. 葡萄园暴风、洪涝灾害防御及减灾措施[J]. 果农之友, 2021(9): 15-16. HU X X, WANG D, XU H C, et al. Prevention and mitigation measures of storm and flood disasters in vineyards[J]. Fruit growers' friend, 2021(9): 15-16 (in Chinese).
- [5] 崔东阳, 贺亮亮, 刘崇怀, 等. 淹水胁迫对夏黑葡萄生理特性和品质的影响[J]. 生态学杂志, 2022, 41(12): 2344-2351. CUI D Y, HE L L, LIU C H, et al. Effect of waterlogging stress on physiological characteristics and berry quality of Summer Black grape[J]. Chinese journal of ecology, 2022, 41(12): 2344-2351 (in Chinese with English abstract).
- [6] 李艳. 葡萄砧木的耐涝性研究[D]. 泰安: 山东农业大学, 2013. LI Y. Study on waterlogging tolerance of grape rootstock[D]. Taian: Shandong Agricultural University, 2013 (in Chinese with English abstract).
- [7] 武绍龙. 水淹胁迫下马缨杜鹃根系代谢物与微生物群落间互作关系[D]. 贵阳: 贵州师范大学, 2022. WU S L. Interaction between root metabolites and microbial community of *Rhododendron delavayi* under waterlogging stress[D]. Guiyang: Guizhou Normal University, 2022 (in Chinese with English abstract).
- [8] HAICHAR F Z, MAROL C, BERGE O, et al. Plant host habitat and root exudates shape soil bacterial community structure[J]. The ISME journal, 2008, 2(12): 1221-1230.
- [9] 朱金滔. 根际促生菌 *Serratia marcescens* LJL-11 缓解紫花苜蓿盐碱胁迫作用的分子机制研究[D]. 哈尔滨: 哈尔滨师范大学, 2020. ZHU J T. Molecular mechanism of plant rhizosphere promoting bacteria *Serratia marcescens* LJL-11 to alleviate the salinealkali stress of alfalfa [D]. Harbin: Harbin Normal University, 2020 (in Chinese with English abstract).
- [10] BADRI D V, VIVANCO J M. Regulation and function of root exudates[J]. Plant, cell & environment, 2009, 32(6): 666-681.
- [11] 云鹏, 高翔, 陈磊, 等. 冬小麦-夏玉米轮作体系中不同施氮水平对玉米生长及其根际土壤氮的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 2010, 16(3): 567-574. YUN P, GAO X, CHEN L, et al. Plant nitrogen utilization and soil nitrogen status in rhizosphere of maize as affected by various nitrogen rates in wheat-maize rotation system[J]. Plant nutrition and fertilizer science, 2010, 16(3): 567-574 (in Chinese with English abstract).
- [12] MAGOČ T, SALZBERG S L. FLASH: fast length adjustment of short reads to improve genome assemblies[J]. Bioinformatics, 2011, 27(21): 2957-2963.
- [13] CAPORASO J G, KUCZYNSKI J, STOMBAUGH J, et al. QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data[J]. Nature methods, 2010, 7(5): 335-336.
- [14] CHAO A, SHEN T J. Nonparametric estimation of Shannon's index of diversity when there are unseen species in sample[J]. Environmental and ecological statistics, 2003, 10(4): 429-443.
- [15] BAI Y, MÜLLER D B, SRINIVAS G, et al. Functional overlap of the *Arabidopsis* leaf and root microbiota[J]. Nature, 2015, 528(7582): 364-369.
- [16] 高彦婷, 黄珍, 张芮, 等. 单生育期水分胁迫对温室葡萄根际土壤酶活性及微生物群落的影响[J]. 干旱地区农业研究, 2021, 39(3): 59-68. GAO Y T, HUANG Z, ZHANG R, et al. Effects of water stress during single growth period on soil enzyme activities and microbial communities in the rhizosphere of greenhouse grape[J]. Agricultural research in the arid areas, 2021, 39(3): 59-68 (in Chinese with English abstract).
- [17] 高敏敏. 模拟水淹胁迫下灰化藁草和藨草分解过程及细菌群落动态研究[D]. 南昌: 南昌大学. GAO M M. The simulation of the decomposition processes of *Carex cinerascens* and *Phalaris arundinacea* and the dynamics of bacterial community under flooding stress [D]. Nanchang: Nanchang University (in Chinese with English abstract).
- [18] 刘璐, 祝贵兵, 夏超, 等. 青藏高原不同海拔梯度厌氧氨氧化细菌丰度及其生物多样性空间分布[J]. 环境科学学报, 2016, 36(4): 1298-1308. LIU L, ZHU G B, XIA C, et al. Spatial distribution of anammox bacteria abundance and biodiversity along altitude gradient in Qinghai-Tibet Plateau[J]. Acta scientiae circumstantiae, 2016, 36(4): 1298-1308 (in Chinese with English abstract).
- [19] 王志远, 阮彦楠, 王伟, 等. 不同梯度氮磷钾施用量对云南植烟土壤细菌群落结构与多样性的影响[J]. 西南农业学报, 2022, 35(4): 764-771. WANG Z Y, RUAN Y N, WANG W, et al. Effects of different gradient application amounts of nitrogen, phosphorus and potassium on bacterial community structure and diversity in tobacco-growing soil of Yunnan Province [J]. Southwest China journal of agricultural sciences, 2022, 35(4): 764-771 (in Chinese with English abstract).

- [20] 魏玉洁,邹弯,马文瑞,等.应用高通量测序技术研究新疆产区葡萄果实、叶片及果园土壤微生物多样性[J].食品科学,2018,39(6):162-170.WEI Y J,ZOU W,MA W R,et al.Microbial diversity of berries, leaves and soil of grapevine plants grown in Xinjiang analyzed by high-throughput sequencing[J].Food science,2018,39(6):162-170 (in Chinese with English abstract).
- [21] 赵忠,滕飞,李卫平,等.包头南海湖不同湖区春季沉积物细菌群落结构[J].灌溉排水学报,2019,38(6):99-104.ZHAO Z,TENG F,LI W P,et al.Spatial variation of the sediment microbial communities in Baotou Nanhai Lake in spring[J].Journal of irrigation and drainage,2019,38(6):99-104 (in Chinese with English abstract).
- [22] JACOBY R P, KOPRIVOVA A, KOPRIVA S. Pinpointing secondary metabolites that shape the composition and function of the plant microbiome [J]. Journal of experimental botany, 2021, 72(1): 57-69.
- [23] 鲁守平,隋新霞,孙群,等.药用植物次生代谢的生物学作用及生态环境因子的影响[J].天然产物研究与开发,2006,18(6):1027-1032.LU S P,SUI X X,SUN Q,et al.Biological functions of secondary metabolism of medicinal plants and influences of ecological environment [J]. Natural product research and development,2006,18(6):1027-1032 (in Chinese with English abstract).

## Changes in structure of rhizobacteria community in ‘Kyoho’ grapevine under flooding stress

CHENG Junsong<sup>1,2</sup>, PENG Chunxia<sup>1</sup>, CHEN Jinli<sup>1</sup>, ZENG Xingying<sup>1</sup>, PENG Yanjie<sup>1,3,4</sup>, SONG Chuncao<sup>1</sup>

1.College of Life Sciences, Leshan Normal University, Leshan 614000, China;

2.Sichuan Society of Forestry, Chengdu 610081, China;3.Institution of Biodiversity

Conservation and Utilization in Emei Mountain, Leshan 614000, China;

4.Post-Doctor Workstation for Featured Fruits in the Dadu River Valley, Leshan 614904, China

**Abstract** The pot flooding method was used to study the waterlogging tolerance of grapevine to mine and utilize the plant rhizobacteria and their functions. Cuttings of 1-year-old Kyoho grapevine were subjected to flooding stress for 21 days and recovery for 7 days after flooding. 16S rRNA high-throughput sequencing technology was used to sequence bacteria in soil, analyze the composition and structure of bacterial community, and study the effects of flooding stress on the composition of rhizobacteria community in Kyoho grapevine. The results showed that the abundance of rhizobacteria in Kyoho grapevine was the highest after 21 days of flooding, and the diversity of rhizobacteria in Kyoho grapevine was the highest after 14 days of flooding. The relative abundance of *Thiobacillus* increased significantly during the recovery period after stress. The results of functional prediction of root bacteria showed that there were significant changes in the metabolism of lipid, terpenoid and polyketide. It is indicated that short-term flooding stress promotes the production of metabolites in plants to change bacterial communities in response to stress, but prolonged flooding disrupts plant metabolism, leading to an increase in the abundance of potentially harmful bacterial flora and a decrease in beneficial bacterial flora in plants. It will provide theoretical basis for the mining and utilization of rhizobacteria and their functions.

**Keywords** grapevine; rhizobacteria; bacterial community; flooding stress; high-throughput sequencing

(责任编辑:张志钰)