

殷彦,周润澈,孙妍,等.间作相生相克作物对香葱根系内生微生物群落的塑造特征[J].华中农业大学学报,2025,44(1):85-93.
DOI:10.13300/j.cnki.hnlkxb.2025.01.009

间作相生相克作物对香葱根系 内生微生物群落的塑造特征

殷彦¹,周润澈²,孙妍¹,庞良琼¹,鲍彩虹¹,陈肯¹,杨尚东¹

1. 广西大学农学院/广西农产品安全重点实验室/植物科学国家级实验教学示范中心,南宁 530004;
2. 广西河池市天峨县瑶族乡农业服务中心,河池 547399

摘要 为解析间作相生相克作物对香葱生长及抗性的作用机制,设置C:香葱单作处理、F:相克处理组合(香葱/豌豆间作)和H:相生处理组合(香葱/番茄间作),比较分析香葱间作不同作物对根系内生微生物群落组成的影响。结果显示:unclassified_f_Xanthomonadaceae、独岛杆菌属(*Dokdonella*)、黄杆菌属(*Flavobacterium*)、unclassified_f_Alcaligenaceae、德沃斯氏菌属(*Devosia*)细菌是香葱间作相生相克作物体系下香葱根系排名前5的共有优势内生细菌属;同时,嗜酸菌属(*Acidovorax*)细菌是相克处理组合:香葱/豌豆间作体系下,香葱根系中特有的优势内生细菌属。单镰刀菌属(*Fusarium*)、炭疽菌属(*Colletotrichum*)、*Plectosphaerella*、unclassified_o_Helotiales、新赤壳属(*Neocosmospora*)真菌是香葱间作相生相克作物体系下香葱根系排名前5的共有优势内生真菌属;赤霉属(*Gibberella*)和*Acroclymma*属真菌是相生处理组合香葱/番茄间作体系下香葱根系中特有的优势内生真菌属;*Dactylonectria*和漆斑菌属(*Myrothecium*)真菌是相克组合处理(香葱/豌豆)间作体系下香葱根系中特有的优势内生真菌属。结果表明,香葱间作不同作物塑造了香葱根系相异的内生微生物群落,香葱间作相生作物体系中,香葱根系中形成了具有促进作物生长、提高作物抗性功能的内生微生物群落;而香葱间作相克作物体系中,香葱根系中形成了以病原微生物为主体的内生微生物群落,这可能是香葱间作不同作物产生相生相克现象的重要机制之一。

关键词 相生相克;间作;内生微生物;土壤生态系统;根际微生物;根系;香葱

中图分类号 S633.9.01 **文献标识码** A **文章编号** 1000-2421(2025)01-0085-09

相生相克是一种普遍存在的生物学现象,指的是一个生物体产生的生物化学物质会影响另一个生物体的生长、存活和繁殖^[1]。在农业生产中,植物间的相生相克有着广泛的应用,主要体现在利用植物间的相生效应进行合理的作物套种、轮作模式的合理使用、杂草的生物防治、无公害农药的开发等方面^[2]。研究表明,相生相克现象不仅存在于植物之间,还存在于植物与微生物之间^[3]。植物内生菌是一类能存活在植物各组织和器官内、与宿主植物关系和谐互利的微生物,主要包括细菌、真菌和放线菌。它们具有促进宿主新陈代谢、防虫防病、固氮、固磷和增强植株抗性等生物学作用^[4]。其中,内生细菌不仅在生物学方面起作用,而且在根系中的存在远高

于其他组织;内生真菌有助于增强宿主植物对养分的吸收能力,并提升植物的抗逆性^[5]。

香葱(*Allium ascalonicum* L.)为百合科葱属植物,是重要的香料蔬菜和调味品。除了具有蔬菜的营养价值外,香葱还具有药用价值,被认为具有祛痰解热、抗菌抗病毒、促进消化、降低血脂、调节血糖、增强免疫力以及抑制肿瘤生长等功效^[6]。在我国南方地区,香葱是不可或缺的特色蔬菜,也是广西重要的北运、外销和出口脱水蔬菜之一^[7]。然而,香葱的连作导致土壤板结严重,并且由于不合理的田间管理,导致土传病害加剧,出现了连作障碍,如病虫害增加、土壤肥力下降和土壤质量劣化等问题,对香葱的产量和品质造成了不良影响^[8]。

收稿日期:2024-03-15

基金项目:广西重点研发计划项目(桂科 AB23026076);广西大学巴马产教融合研究院专项(巴人科 20220005);广西大学农博士产教融合研究院科研项目(202300109)

殷彦, E-mail: 2363947287@qq.com

通信作者: 杨尚东, E-mail: ysd706@gxu.edu.cn

目前的研究发现,植物根际土壤微生物群落的组成和功能与植物对土壤传播病害的抗性之间存在密切关联^[9]。土壤微生物群落结构的多样性和均匀性程度的增加与其对土传病害的抑制能力呈正相关^[10]。间作栽培有助于改善土壤的物理和化学性质,提升土壤肥力和微生物多样性,进而有助于维护土壤生态系统的健康^[11]。韩海霞等^[12]选用香葱与草莓进行间作,部分解决了香葱在生产中存在的病害多、产量低和效益低的问题。另外,张伟伟^[13]开展西瓜与香葱间作试验,对西瓜间作效应进行研究,发现间作显著促进了西瓜与香葱的生长,西瓜的光合作用也得到加强。

但目前间套作栽培体系中相生相克发生的机制,尤其是微生物生态学方面的作用机制仍不明确。为此,本研究设置香葱单作、相生组合(香葱/番茄间作)和相克组合(香葱/豌豆间作)栽培模式处理,比较分析香葱间作不同作物对根系内生微生物群落组成的影响,解析香葱间作相生相克作物对根系内生微生物群落结构组成的塑造特征,旨在探究香葱间作不同作物对其生长及抗性的影响,为构建香葱健康生态生产技术体系及提高香葱产量与品质提供理论依据和技术支撑。

1 材料与方 法

1.1 试验地概况

试验于2021年1月在广西大学农学院蔬菜基地(108°17'25"E,22°51'02"N)进行。试验材料均购于广西壮族自治区南宁市蔬菜种子市场,香葱(*Allium ascalonicum*)品种为上海四季小香葱819,豌豆(*Pisum sativum* L.)品种为奇珍76豌豆;番茄(*Solanum lycopersicum* L.)品种为芳萱丽粉番茄。

试验地土壤理化性状:pH 5.68,有机质 8.92 g/kg,碱解氮 15.27 mg/kg,速效磷 0.67 mg/kg,速效钾 82.8 mg/kg,全氮 0.55 g/kg,全磷 0.67 g/kg,全钾

7.51 g/kg。

1.2 试验设计

设置3个处理,C:香葱单作处理、F:相克处理组合(香葱/豌豆间作)和H:相生处理组合(香葱/番茄间作)。每个处理5次重复,其中,单作为仅种植香葱。香葱/豌豆间作、香葱/番茄间作的除草灌溉、病虫害防治、施肥等按常规方法进行相同管理。

1.3 样品采集与处理

2021年3月,在每个栽培处理中随机选取3株生长状况良好的香葱植株,在以植株为中心、半径12 cm的圆对周围进行松土,然后握住植株茎基部拔出植株;按照抖根法^[14]收集作物根系样品。

1.4 测定项目及方法与统计分析

样品DNA提取、PCR扩增和Illumina MiSeq测序操作委托上海美吉生物医药科技有限公司完成。DNA提取:利用FastDNA®Spin Kit for Soil试剂盒(MP Biomed-icals, U.S)抽提总DNA,使用Nano-Drop2000分光光度计(Thermo Fisher Scientific, U.S)测定DNA浓度和纯度,最后凝胶电泳检测DNA提取质量;PCR扩增的引物和测序类型详见表1;Illumina MiSeq测序:以2%琼脂糖凝胶进行PCR产物回收、纯化(Extraction Kit)、Tris-HCl洗脱和电泳检测,并用QuantusTMFluorometer(Promega, USA)对回收产物进行检测定量。借助上海美吉生物医药科技有限公司提供的平台,利用97%相似性对序列进行操作单元(operational taxonomic units, OTUs)聚类,获得每个OTU的代表序列并生成相应的OTU表格。

采用Shannon指数表征内生微生物的多样性,用Ace指数和Chao1指数表征微生物的丰富度。所有指标的计算方法和结果均通过上海美吉生物医药技术有限公司所提供的I-sanger云统计分析平台进行统计分析。最后,再通过Excel 2019和IBM的SPSS Statistics 23统计分析软件进行数据分析。

表1 测序类型与引物序列名称

Table 1 Sequencing type and primer sequence

| 引物类型 Primer type | 引物名称 Primer name | 引物序列(5'-3') Primer sequence | 测序平台 Sequencing platform | 产物长度/bp Product length |
|------------------------------------|---------------------|--------------------------------|-----------------------------|---------------------------|
| 根系内生细菌 Root endophytic bacteria | 1192R | ACGGGCGGTGTGTRC | MiSeq PE250 | 394 |
| | 799F | AACMGATTAGATACCKG | | |
| 根系内生真菌 Root endophytic fungi | 1193R | ACGTCATCCCCACCTTCC | MiSeq PE250 | 350 |
| | ITS1F | CTTGGTCATTTAGAGGAAGTAA | | |
| | ITS2R | GCTGCGTTCTTCATCGATGC | | |

2 结果与分析

2.1 间作相生相克作物对香葱根系内生细菌群落组成的影响

1) 不同栽培模式下香葱根系内生细菌 OTUs 分

表2 不同栽培模式下香葱根系内生细菌物种分类统计

Table 2 Taxonomic analysis of endophytic bacterial species in the rhizosphere of chives under various cultivation modes

| 栽培模式 Cultivation modes | OTUs | 不同分类阶元归类数量 Number of different taxonomic categories | | | | | |
|---------------------------|------|---|---------|---------|----------|---------|-----------|
| | | 门 Phylum | 纲 Class | 目 Order | 科 Family | 属 Genus | 种 Species |
| C | 715 | 20 | 40 | 114 | 202 | 340 | 519 |
| F | 656 | 19 | 33 | 101 | 177 | 306 | 472 |
| H | 634 | 22 | 38 | 105 | 181 | 317 | 468 |
| 总计 Total | 886 | 23 | 43 | 127 | 223 | 390 | 619 |

注: C: 香葱单作处理; F: 相克处理组合(香葱/豌豆间作); H: 相生处理组合(香葱/番茄间作)。下同。Note: C: Chive monoculture; F: Chive/peas intercropping system; H: Chive/tomato intercropping system. The same as below.

2) 间作相生相克作物对香葱根系内生细菌 Alpha 多样性的影响。由表3可见, 不同栽培模式下香葱植株根系内生细菌以及真菌的覆盖率均为99% (>97%), 表明测序结果可真实反映样本中细菌分布的真实情况。与相克组合(香葱/豌豆间作)相比, 相生组合(香葱/番茄间作)体系中, 表征香葱根系内生细菌多样性的香农指数、表征内生细菌丰富度的Ace指数和Chao 1指数与相克组合之间不存在显著差异。同时, 无论是间作相生或是相克作物, 香葱根系内生细菌多样性和丰富度同单作之间亦不存在显著差异。结果表明: 香葱无论是间作相生或是相克作物均没有显著改变香葱根系内生细菌的多样性和丰富度。

表3 不同栽培模式下香葱植株根系内生细菌 Alpha 多样性指数

Table 3 Alpha diversity index of endophytic bacterial species in the root system of chives plants under different cultivation modes

| 栽培模式 Cultivation modes | 香农指数 Shannon index | Ace指数 Ace index | Chao 1指数 Chao 1 index | 覆盖率/% Coverage |
|---------------------------|-----------------------|--------------------|--------------------------|-------------------|
| C | 4.55±0.11a | 592.4±34.06a | 604.10±46.81a | 99 |
| F | 4.27±0.46a | 597.0±69.26a | 604.80±77.24a | 99 |
| H | 4.30±0.34a | 609.1±87.50a | 595.00±42.87a | 99 |

②内生细菌在属分类水平上的群落组成。由图2可见, 相生组合(香葱/番茄间作)栽培体系中, 香葱植株根系优势内生细菌属(相对丰度占比大于1%)有20个, 其丰度占比排名前5的属为 unclassified_f_Xanthomonadaceae(11.60%)、黄杆菌属(*Flavobacterium*, 7.99%)、独岛杆菌属(*Dokdonella*, 6.70%)、德沃斯氏菌属(*Devosia*, 5.56%)和假单胞菌属(*Pseudomonas*, 5.51%)。与之相比, 相克组合(香葱/豌豆间作)栽培体系中, 香葱植株根系优势内

析。基于97%相似性水平对不同栽培模式样品序列进行聚类分析, 结果(表2)显示, 香葱根系内生细菌群落可被分类为23个门、43个纲、127个目、223个科、390个属、619个种和886个OTUs。

3) 间作相生相克作物对香葱根系内生细菌群落组成的影响。

①内生细菌在门分类水平上的群落组成。由图1可见, 门分类水平上, 香葱单作或是间作体系中, 香葱植株根系优势内生细菌群落组成(相对丰度占比大于1%)均为变形菌门(Proteobacteria)、拟杆菌门(Bacteroidota)和放线菌门(Actinobacteriota); 表明香葱间作不同作物并没有改变香葱根系内生细菌群落组成, 仅改变了香葱根系内生细菌门分类组成的丰度占比。与相克组合处理(香葱/豌豆间作)相比, 相生组合处理(香葱/番茄间作)体系中, 香葱根系变形菌门细菌丰度占比下降, 放线菌门和拟杆菌门内生细菌丰度占比上升。

生细菌属(相对丰度占比大于1%)也有20个, 其丰度占比排名前5的为 unclassified_f_Xanthomonadaceae(11.13%)、unclassified_f_Alcaligenaceae(9.47%)、独岛杆菌属(8.71%)、黄杆菌属(5.44%)和假单胞菌属(4.66%)。此外, 香葱单作栽培体系中, 香葱植株根系优势内生细菌属(相对丰度占比大于1%)有23个, 其占比排名前5的为 unclassified_f_Xanthomonadaceae(7.68%)、独岛杆菌属(*Dokdonella*, 6.89%)、黄杆菌属(*Flavobacterium*, 5.44%)、沙雷氏菌属

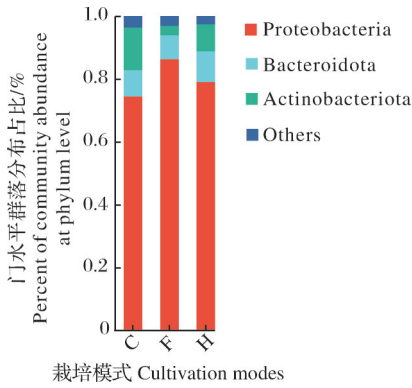


图1 不同栽培模式下香葱植株根系内生细菌门类水平群落相对分布

Fig.1 Relative distribution of endophytic bacteria at phylum level in roots of chives under different cultivation modes

(*Serratia*, 5.17%)和德沃斯氏菌属 (5.05%)。

综上所述, unclassified_f_Xanthomonadaceae、独岛杆

菌属、黄杆菌属、unclassified_f_Alcaligenaceae、德沃斯氏菌属、*Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium*、假单胞菌属、寡养单胞菌属(*Stenotrophomonas*)、短波单胞菌属(*Brevundimonas*)、鞘氨醇盒菌属(*Sphingopyxis*)、不粘杆菌属(*Asticcacaulis*)、鞘脂菌属(*Sphingobium*)、unclassified_f_Comonadaceae细菌是香葱间作相生相克作物以及单作栽培体系中香葱植株根系共有的优势内生细菌属。*Uliginosibacterium*、嗜酸菌属(*Acidovorax*)、unclassified_f_Xanthobacteraceae、柄杆菌属(*Caulobacter*)、unclassified_f_Rhizobiaceae、unclassified_f_Enterobacteriaceae细菌是相克组合(香葱/豌豆间作)栽培体系中香葱植株根系特有的优势内生细菌属;链霉菌属(*Streptomyces*)、*Lechevalieria*、拉恩氏菌属(*Rahnella*)和游动放线菌属(*Actinoplanes*)是香葱植株单作根系特有的优势内生细菌属。

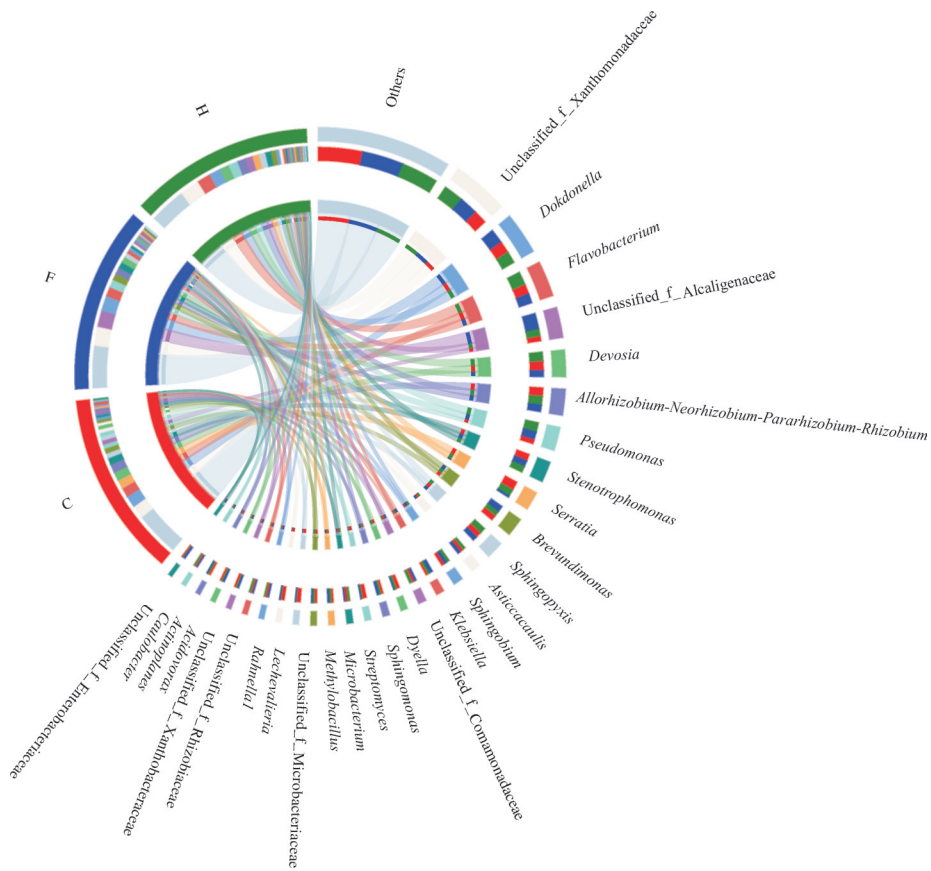


图2 不同栽培模式下香葱植株根系内生细菌属分类水平群落相对分布

Fig.2 Relative distribution of endophytic bacteria at genus level in the root system of chives under different cultivation modes

2.2 间作相生相克作物对香葱植株根系内生真菌群落组成的影响

1)不同栽培模式下香葱根系内生真菌OTUs分

析。在香葱单作和间作相生相克作物体系中,基于97%相似性水平对样品序列进行分类聚类分析(表4),结果显示,香葱根系内生真菌群落可被分类

为9个门、30个纲、58个目、118个科、170个属、240个种和498个OTUs。

2)间作相生相克作物对香葱根系内生真菌Alpha多样性的影响。由表5可见,不同栽培模式下,相克组合(香葱/豌豆间作)与相生组合(香葱/番茄间作)处理间,香葱根系内生真菌香农指数存在显著

差异;香葱单作、相克组合(香葱/豌豆间作)和相生组合(香葱/番茄间作)的Ace指数和Chao 1指数没有显著差异。结果表明:3种不同栽培模式处理对提高香葱植株根系内生真菌的丰富度没有显著影响,但间作相比单作可以提高香葱植株根系内生真菌的多样性。

表4 不同栽培模式下香葱根系内生真菌物种分类统计

Table 4 Classification of endophytic fungi in chive roots under different intercropping modes

| 栽培模式 Cultivation modes | OTUs | 不同分类阶元归类数量 Numbers of different taxonomic categories | | | | | |
|---------------------------|------|--|---------|---------|----------|---------|-----------|
| | | 门 Phylum | 纲 Class | 目 Order | 科 Family | 属 Genus | 种 Species |
| C | 301 | 8 | 24 | 44 | 79 | 108 | 142 |
| F | 284 | 7 | 24 | 42 | 74 | 104 | 143 |
| H | 249 | 9 | 22 | 38 | 65 | 98 | 140 |
| 总计 Total | 498 | 9 | 30 | 58 | 118 | 170 | 240 |

表5 不同栽培模式下香葱植株根系内生真菌Alpha多样性指数

Table 5 Alpha diversity index of endophytic fungi in roots of chives under different cultivation modes

| 栽培模式 Cultivation modes | 香农指数 Shannon index | ACE指数 ACE index | Chao 1指数 Chao 1 index | 覆盖率/% Coverage |
|---------------------------|-----------------------|--------------------|--------------------------|-------------------|
| C | 2.48±0.35a | 166.40±26.97a | 171.80±25.75a | 99 |
| F | 2.68±0.08a | 153.80±20.32a | 151.90±19.86a | 99 |
| H | 2.08±0.09b | 135.70±31.42a | 135.60±29.87a | 99 |

3)间作相生相克作物对香葱根系内生真菌群落组成的影响。

①内生真菌在门分类水平上的群落组成。由图3可见,相生组合(豌豆/番茄间作)栽培模式下,香葱植株根系优势内生真菌门分类水平丰度占比由高至低依次分别为子囊菌门(Ascomycota, 83.20%)、油壶菌门(Olpidiomycota, 7.25%)、担子菌门(Basidiomycota, 4.00%)、unclassified_k_Fungi(3.11%)、球囊菌门(Glomeromycota, 2.11%)。

与之相比,相克组合(香葱/豌豆间作)栽培模式下,香葱植株根系优势内生真菌门类丰度占比由高至低依次分别为子囊菌门(68.17%)、罗兹菌门(Rozellomycota, 8.57%)、unclassified_k_Fungi(8.14%)、球囊菌门(6.85%)、担子菌门(4.24%)、壶菌门(Chytridiomycota, 2.05%)和油壶菌门(1.98%)。

此外,香葱单作栽培体系中,香葱植株根系优势内生真菌门类丰度占比由高至低依次分别为子囊菌门(68.68%)、球囊菌门(22.08%)、担子菌门(4.92%)、油壶菌门(2.33%)和unclassified_k_Fungi(1.57%)。

与相生组合(香葱/茄间作)处理相比,罗兹菌门和壶菌门真菌是相克组合(香葱/豌豆间作)栽培体系中香葱植株根系中特有的优势内生真菌门类;与

香葱单作相比,虽然相生组合(香葱/番茄间作)栽培模式中香葱根系中不存在特有的优质真菌门类,但香葱植株根系中子囊菌门真菌丰度占比高于相应的单作栽培处理。

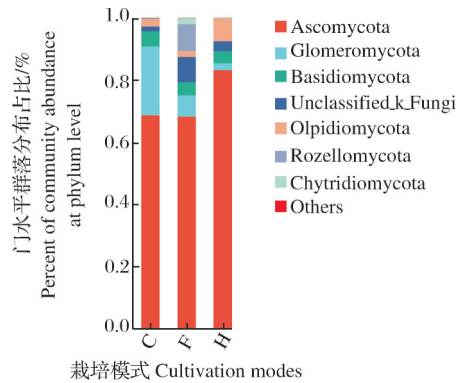


图3 不同栽培模式下香葱植株根系内生真菌门分类水平群落相对分布

Fig.3 Relative distribution of endophytic fungi at phylum level in roots of chives under different cultivation modes

②内生真菌在属分类水平上的群落组成。相生组合香葱/番茄间作栽培体系中,香葱植株根系优势内生真菌属(相对丰度占比大于1%)有12个,丰度占比前5的属为炭疽菌属(*Colletotrichum*, 28.43%)、镰刀菌属(*Fusarium*, 27.93%)、*Plectosphaerella*(7.87%)、油壶菌属(*Olpidium*, 7.25%)、unclassified_o_ *Helotia-*

les (4.51%)。相克(香葱/豌豆)作物间作栽培体系中,香葱植株根系优势内生真菌属(相对丰度占比大于1%)有15个,丰度占比前5的为 *Plectosphaerella* (15.78%)、镰刀菌属 (*Fusarium*, 13.65%)、unclassified_o_Helotiales (10.29%)、unclassified_p_Rozellomycota (8.57%)、unclassified_k_Fungi (8.14%)、摩西管柄囊霉菌属 *Funnelformis* (5.85%)。此外,香葱单作栽培体系中,香葱植株根系优势内生真菌属(相对丰度占比大于1%)有14个,丰度占比前5的为镰刀菌属 (*Fusarium*, 20.95%)、炭疽菌属 (*Colletotrichum*, 17.66%)、摩西管柄囊霉菌属 (*Funnelformis*, 9.60%)、新赤壳属 (*Neocosmospora*, 8.68%)、*Rhizopagus* (7.40%)。

综上,镰刀菌属、炭疽菌属、unclassified_o_Helo-

tiales、新赤壳属、unclassified_k_Fungi、unclassified_p_Ascomycota、油壶菌属 (*Olpidium*)、丝核菌属 (*Rhizoctonia*)真菌是香葱相生相克间作以及单作栽培体系中,香葱植株根系共有的优势内生真菌属;赤霉菌属和 *Acrocalymma* 属真菌是相生(香葱/番茄)作物间作栽培体系中香葱植株根系特有的优势内生真菌属; unclassified_p_Rozellomycota、unclassified_o_Pleosporales、*Dactylonectria*、漆斑菌属 (*Myrothecium*)、unclassified_p_Chytridiomycota 属真菌是相克(香葱/豌豆)作物间作栽培体系中香葱植株根系特有的优势内生真菌属。unclassified_f_Glomeraceae、球囊霉属、unclassified_f_Ceratobasidiaceae 属真菌是香葱单作栽培体系中香葱植株根系特有的优势内生真菌属。

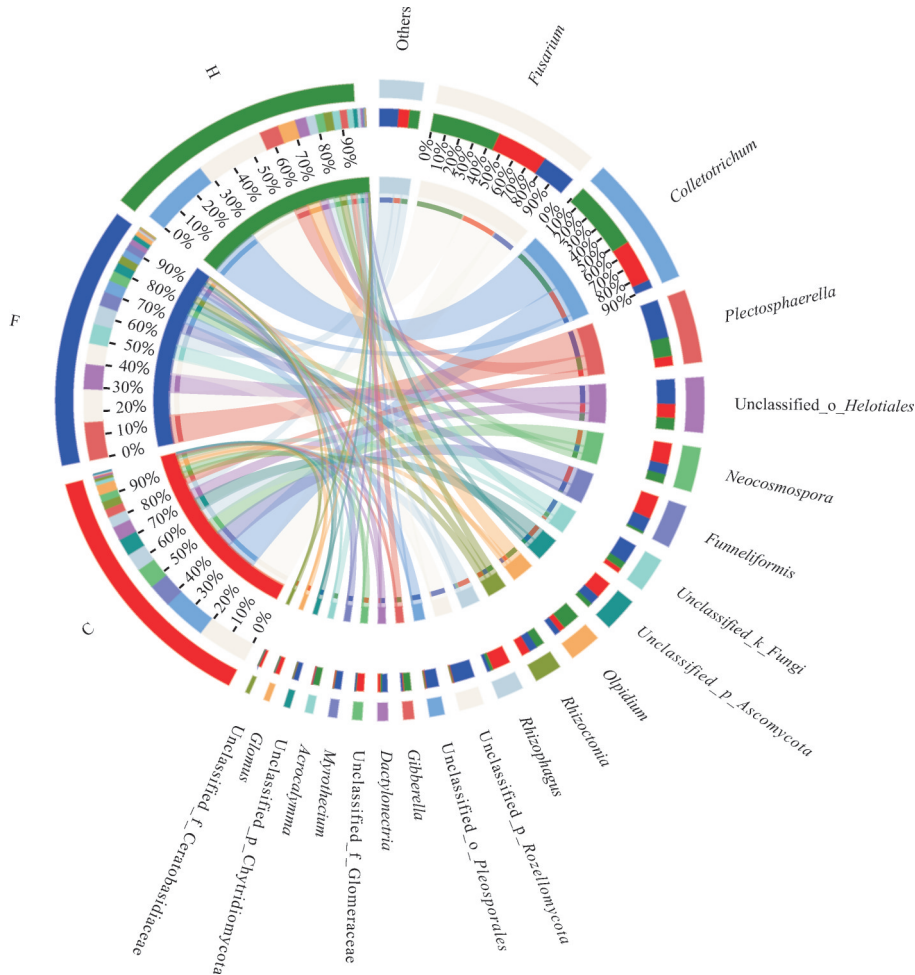


图4 不同栽培模式下香葱植株根系内生真菌属分类水平群落相对分布

Fig.4 Relative distribution of endophytic fungi at genus level in root of chives under different cultivation modes

3 讨论

植物内生菌广泛存在于植物各器官组织中,但根部内生细菌数量远超过其他组织,表明根部在植

物微生物相互作用中的重要性^[15]。内生细菌在植物生态系统中发挥着多种重要作用,包括固氮、促进植物生长繁殖、增强植物抗性和生物防治等功能。这

些作用有助于维持植物的健康状态并提高其生存竞争力^[16]。同时,张静薇^[17]的研究发现,利用植物间的相生作用进行合理地间作可以提高作物产量和农田生产力、改良土壤并缓解连作障碍。但植物间亦存在着相克现象,如番茄/玉米间作显著抑制番茄的生长,导致番茄产量较低,表现出明显的相克作用。

3.1 间作相生相克作物对香葱根系内生细菌群落的塑造特征

与香葱单作相比,香葱无论是间作相生(番茄)抑或相克(豌豆)作物均没有改变香葱植株根系内生细菌群落门分类组成,仅改变了植株根系优势内生细菌群落门分类组成的丰度占比。其中,香葱相生间作体系中,香葱根系中放线菌门(Actinobacteriota)和拟杆菌门(Bacteroidota)细菌的丰度占比均高于相克间作处理;前人的研究已证实,放线菌门和拟杆菌门细菌对侵染性病害具有十分明显的防治作用^[18-19]。与相生组合(香葱/番茄间作)体系相比,unclassified_f_Alcaligenaceae细菌在相克组合(香葱/豌豆间作)体系的香葱根系中丰度占比更高,富集了特有的嗜酸菌属(*Acidovorax*)细菌;前人的研究发现,嗜酸菌属(*Acidovorax*)和unclassified_f_Alcaligenaceae细菌中含有多种植物病原体^[20],由此推测这2类细菌的富集可能是香葱/豌豆间作发生相克现象的原因之一。

3.2 间作相生相克作物对香葱根系内生真菌群落的塑造特征

与香葱相生组合(香葱/番茄间作)体系相比,香葱相克组合(香葱/豌豆间作)不仅显著改变了内生真菌群落多样性,而且富集了相生组合间作体系中缺乏的、相克间作体系中香葱根系特有的罗兹菌门(Rozellomycota)和壶菌门(Chytridiomycota)真菌;但其中壶菌门(Olpidiomycota)真菌的丰度占比低于相应的相生组合。*Dactylonectria*属和漆斑菌属(*Myrothecium*)真菌是香葱相克间作组合中香葱根系特有的内生真菌属;而漆斑菌属(*Myrothecium*)真菌侵染植物会引起系统性萎蔫症状或局部性坏死和腐烂^[21]。此外,*Gibberella*和*Acrocalymma*属真菌是香葱相生组合体系中,香葱根系特有的内生真菌属;其中,*Gibberella*属真菌在对抵抗青枯菌侵染中发挥着重要的作用^[22];而*Acrocalymma*属真菌具有提高植物抗性且促进植物生长的作用^[23]。

Unclassified_f_Xanthomonadaceae、独岛杆菌属

(*Dokdonella*)、黄杆菌属(*Flavobacterium*)、unclassified_f_Alcaligenaceae、德沃斯氏菌属(*Devosia*)细菌是香葱相生相克体系下香葱根系排名前5的共有优势内生细菌属;同时,嗜酸菌属(*Acidovorax*)细菌是相克(香葱/豌豆)组合间作体系下香葱根系中特有的优势内生细菌属。镰刀菌属(*Fusarium*)、炭疽菌属(*Colletotrichum*)、*Plectosphaerella*、unclassified_o_Helotiales、新赤壳属(*Neocosmospora*)真菌是香葱间作相生相克作物体系下,香葱根系排名前5的共有优势内生真菌属;*Gibberella*和*Acrocalymma*属真菌是相生组合(香葱/番茄间作)体系下,香葱根系中特有的优势内生真菌属;*Dactylonectria*和漆斑菌属(*Myrothecium*)真菌是相克组合(香葱/豌豆间作)体系下,香葱根系中特有的优势内生真菌属。

综上,香葱间作不同作物塑造了香葱根系相异的内生微生物群落组成,相生组合间作体系中,香葱根系中形成了具有促进生长、提高抗性功能的内生微生物群落;而相克组合间作体系中,香葱根系中形成了以病原微生物为主体的内生微生物群落,这可能是香葱间作不同作物产生相生相克现象的重要机制之一。

参考文献 References

- [1] 吴晓华. 植物化感作用机理及其在园林植物配置中的应用[J]. 山东林业科技, 2010, 40(3): 125-129. WU X H. Allelopathy mechanisms of plants and its application in landscape plant configuration [J]. Journal of Shandong forestry science and technology, 2010, 40(3): 125-129 (in Chinese).
- [2] 姜涛, 张建春. 植物化感作用在农业生产中的应用[J]. 园艺与种苗, 2017, 37(5): 74-76. JIANG T, ZHANG J C. Application of plant allelopathy in agricultural production [J]. Horticulture & seed, 2017, 37(5): 74-76 (in Chinese).
- [3] KONG C H, XU X H, ZHANG M, et al. Allelochemical triclin in rice hull and its aurone isomer against rice seedling rot disease [J]. Pest management science, 2010, 66(9): 1018-1024.
- [4] 方珍娟, 张晓霞, 马立安. 植物内生菌研究进展[J]. 长江大学学报(自然科学版), 2018, 15(10): 41-45. FANG Z J, ZHANG X X, MA L A. Research progress of endophytic bacteria in plants [J]. Journal of Yangtze University (natural science edition), 2018, 15(10): 41-45 (in Chinese).
- [5] FAGORZI C, MENGONI A. Endophytes: improving plant performance [J/OL]. Microorganisms, 2022, 10(9): 1777 [2024-03-15]. <https://doi.org/10.3390/microorganisms10091777>.
- [6] BASTAKI S M A., OJHA S., KALASZ H., et al. Chemical

- constituents and medicinal properties of *Allium* species [J]. *Mol Cell Biochem*, 2021, 476: 4301-4321.
- [7] 尚小红,周生茂,郭元元,等.广西香葱高效栽培技术[J].长江蔬菜,2017(21):31-34.SHANG X H,ZHOU S M, GUO Y Y, et al. Efficient cultivation techniques of chives in Guangxi [J]. *Journal of Changjiang vegetables*, 2017 (21): 31-34 (in Chinese).
- [8] 陈振东,秦健,韦宗赛,等.香葱连作障碍的成因及其修复试验[J].长江蔬菜,2016(10):80-83.CHEN Z D, QIN J, WEI Z S, et al. Causes and solutions for continuous cropping obstacles in chive production [J]. *Journal of Changjiang vegetables*, 2016(10):80-83 (in Chinese).
- [9] VAN ELSAS J D, GARBEVA P, SALLES J. Effects of agronomical measures on the microbial diversity of soils as related to the suppression of soil-borne plant pathogens [J]. *Biodegradation*, 2002, 13(1): 29-40.
- [10] JANVIER C, VILLENEUVE F, ALABOUVETTE C, et al. Soil health through soil disease suppression: which strategy from descriptors to indicators? [J]. *Soil biology and biochemistry*, 2007, 39(1): 1-23.
- [11] TIROESELE B, MATSHELA O. The effect of companion planting on the abundance of cabbage aphid, *Brevicoryne brassicae* L., on kale (*Brassica oleracea* var. *acephala*) [J]. *Journal of plant and pest science*, 2015, 2(3): 57-65.
- [12] 韩海霞,马圆,张梦楠,等.日光温室香葱与草莓间作栽培模式[J].北方园艺,2021(23):172-173.HAN H X, MA Y, ZHANG M N, et al. Intercropping cultivation model of chives and strawberries in solar greenhouse [J]. *Northern horticulture*, 2021(23): 172-173 (in Chinese).
- [13] 张伟伟.间作对西瓜生理生化特性及根际土壤特性影响的研究[D].雅安:四川农业大学,2017.ZHANG W W. Effects of Intercropping on physiological and biochemical characteristics and rhizosphere soil characteristics of watermelon [D]. Yaan: Sichuan Agricultural University, 2017 (in Chinese with English abstract).
- [14] 罗俊,林兆里,李诗燕,等.不同土壤改良措施对机械压实酸化蔗地土壤理化性质及微生物群落结构的影响[J].作物学报,2020,46(4):596-613.LUO J, LIN Z L, LI S Y, et al. Effects of different soil improvement measures on soil physicochemical properties and microbial community structures in mechanically compacted acidified sugarcane field [J]. *Acta agronomica sinica*, 2020, 46(4): 596-613 (in Chinese with English abstract).
- [15] 喻江.玉米和大豆根内生细菌多样性及促生细菌鉴定评价[D].哈尔滨:东北农业大学,2016.YU J. Diversity of endophytic bacteria in maize and soybean roots and identification and evaluation of growth-promoting bacteria [D]. Harbin: Northeast Agricultural University, 2016 (in Chinese with English abstract).
- [16] LU H, ZOU W X, MENG J C, et al. New bioactive metabolites produced by *Colletotrichum* sp., an endophytic fungus in *Artemisia annua* [J]. *Plant science*, 2000, 151(1): 67-73.
- [17] 张静薇.番茄相生相克植物的筛选和应用及全程有机种植物体系的实施[D].南京:南京农业大学,2019.ZHANG J W. Screening and application of tomato plants and implementation of organic planting system in the whole process [D]. Nanjing: Nanjing Agricultural University, 2019 (in Chinese with English abstract).
- [18] ZHANG J A, AHMED W, ZHOU X H, et al. Crop rotation with marigold promotes soil bacterial structure to assist in mitigating clubroot incidence in Chinese cabbage [J/OL]. *Plants*, 2022, 11, 2295 [2024-03-15]. <https://doi.org/10.3390/plants11172295>.
- [19] NI H P, ZONG R, SUN J J, et al. Response of bacterial community to the occurrence of clubroot disease in Chinese cabbage [J/OL]. *Frontiers in microbiology*, 2022, 13: 922660 [2024-03-15]. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.922660>.
- [20] CHALUPOWICZ L, REUVEN M, DROR O, et al. Characterization of *Acidovorax citrulli* strains isolated from solanaceous plants [J]. *Plant pathology*, 2020, 69(9): 1787-1797.
- [21] YE W, LIU T M, ZHU M Z, et al. *De novo* transcriptome analysis of plant pathogenic fungus *Myrothecium roridum* and identification of genes associated with trichothecene mycotoxin biosynthesis [J/OL]. *International journal of molecular sciences*, 2017, 18(3): 497 [2024-03-15]. <https://doi.org/10.3390/ijms18030497>.
- [22] TAN L, ZENG W A, XIAO Y S, et al. Fungi-bacteria associations in wilt diseased rhizosphere and endosphere by interdomain ecological network analysis [J/OL]. *Frontiers in microbiology*, 2021, 12: 722626 [2024-03-15]. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.722626>.
- [23] AZUDDIN N F, MOHD M H, ROSELY N F N, et al. Molecular phylogeny of endophytic fungi from rattan (*Calamus castaneus* griff.) spines and their antagonistic activities against plant pathogenic fungi [J/OL]. *Journal of fungi*, 2021, 7(4): 301 [2024-03-15]. <https://doi.org/10.3390/jof7040301>.

Characteristics of the endophytic microbial community in root system of chives shaping by intercropping allelopathic crops

YIN Yan¹, ZHOU Runche², SUN Yan¹, PANG Liangqiong¹,
BAO Caihong¹, CHEN Ken¹, YANG Shangdong¹

1. College of Agriculture, Guangxi University/ Guangxi Key Laboratory of Agricultural Product Safety/
National Experimental Teaching Demonstration Center for Plant Science, Nanning 530004, China;

2. Agricultural Service Center of Yao Township, Tiane County, Hechi City,
Guangxi Zhuang Autonomous Region, Hechi 547399, China

Abstract Treatments including C (chives monoculture), F (intercropping chives and pea), and H (intercropping chives and tomato) were set to analyze the mechanism of intercropping allelopathic crops on the growth and resistance of chives. The effects of intercropping different crops with chives on the composition of endophytic microbial communities in the root system of chives were compared. The results showed that unclassified_f_Xanthomonadaceae, *Dokdonella*, *Flavobacterium*, unclassified_f_Alcaligenaceae and *Devosia* were the top 5 dominant endophytic bacterial genera in the root system of chives under the intercropping allelopathic crops. *Acidovorax* bacteria were the allelopathic combination. There was the dominant endophytic bacterial genus unique to the root system of chives under F (intercropping chives and pea). *Fusarium*, *Colletotrichum*, *Plectosphaerella*, unclassified_o_Helotiales, and *Neocosmospora* fungi were the top 5 dominant endophytic fungi genera in the root system of chives under the intercropping allelopathic crops. *Gibberella* and *Acrocalymma* fungi were the dominant endophytic fungi unique to the root system of chives under H (intercropping chives and tomato). *Dactylonectria* and *Myrothecium* fungi were the dominant endophytic fungi unique to the root system of chives under F (intercropping chives and pea). It is indicated that intercropping chives with different crops shaped the composition of endophytic microbial communities in the root system of chives. In the intercropping system of chives, an endogenous microbial community with the functions of promoting crop growth and enhancing crop resistance is formed in the root system of chives. In the intercropping system of chives, an endophytic microbial community dominated by pathogenic microorganisms is formed in the root system of chives, which is one of the important mechanisms for intercropping allelopathic crops with chives as well.

Keywords allelopathy; intercropping; endophytic microorganisms; soil ecosystems; root system; rhizospheric microorganisms; chives

(责任编辑:张志钰)