

病原体入侵和环境波动下核桃叶际微生物组动态响应

王诗玮¹ 朱天辉^{1, 2*} ...

(1.四川农业大学 成都 611130; 2.国家林业和草原局“长江上游森林资源保育与生态安全”重点实验室 成都 611130)

摘要:【目的】明确在病原体入侵和环境波动下核桃叶际微生物组群落特征的动态变化,为核桃叶部相关疾病的预测和治理提供依据。【方法】以“川早”核桃为对象,在5~10月根据核桃物候期设定的取样时期采集无人工干预条件下健康和染病叶片作为样本。整合16S rDNA和ITS Illumina高通量测序技术系统地研究染叶斑病和健康核桃叶际真菌和细菌的群落随物候期发展的变化,采用冗余分析解释非生物因素和生物因素如何影响微生物群落。【结果】同一物候期阶段的染病和健康叶片叶际微生物群落多样性显著差异,染病核桃叶际真菌、细菌群落丰富度(Chao1指数)和多样性(Shannon指数)均高于健康叶片。叶际微生物群落丰度和多样性也随物候期发展发生变化,在7~8月(第3次采样)和10月(第5次采样)病-健组出现极显著差异。在属水平,假单胞杆菌属(*Pseudomonas*)和黄单胞杆菌属(*Xanthomonas*)的相对丰度在在染病组(in3、in4、in5)中明显高于健康组(he3、he4、he5)。驱动核桃叶际细菌微生物群落的“关键物种”假单胞杆菌属(*Pseudomonas*)对病-健叶片叶际微生物群落影响最大,占病叶组和健康叶组间Bray-Curtis总差异比例最高,并且在相关性网络中与黄单胞杆菌属(*Xanthomonas*)、成团泛菌属(*Pantoea*)有效连接。真菌炭疽菌属(*Colletotrichum*)和交链孢霉属(*Alternaria*)均与外担菌属(*Exobasidium*)、白粉寄生孢属(*Ampelomyces*)产生有效连接。在细菌和真菌群落与气候因子的冗余分析中,各因子均呈正相关关系,露点温度(DT)和降水量(LPDD)分别与细菌和真菌群落和种类分布的相关程度最大。并且露点温度和降水量相互作用对叶际群落变化的贡献均大于两个气候因子单独作用,在真菌群落中更为明显。生物因素指标(叶片净光合速率和气孔导度)染病叶均低于健康叶,细菌群落与净光合速率和气孔导度间均显著相关,真菌群落与净光合速率显著相关,和气孔导度间相关性稍弱。【结论】核桃叶片感染对叶际微生物群落的丰富度、多样性有显著影响,气候条件和叶片光合条件也对叶际微生物群落产生显著作用,但同时叶际微生物又影响核桃叶片与叶斑病病原物的相互作用。

关键词:植物-微生物相互作用;叶际微生物;叶部病害;核桃(*Juglans regia* L.);高通量测序

中图分类号 S763.1

文献标识码: A

文章编号: 0000-0000 () -0000-00