

库尔勒香梨树腐烂病发生对其树皮微生物群落特征的影响

张珍, 王喆, 张怡雯, 唐御忻, 王兰*

(塔里木大学生命科学学院/南疆农业有害生物综合治理兵团重点实验室/南疆特色果树高效优质栽培与深加工技术国家地方联合工程实验室, 新疆阿拉尔 843300)

摘要: [背景]香梨树腐烂病 (*Fragrant Pear Valsa Canker*) 严重威胁库尔勒香梨产业健康持久发展。香梨树皮微生物群落在维护宿主健康中起着不可估量的作用, 但关于库尔勒香梨树皮微生物的多样性和群落结构的研究报道比较缺乏。通过解析患腐烂病不同侵染阶段的库尔勒香梨树皮微生物的多样性、群落结构和功能特征, 为揭示树皮微生物在腐烂病发生中的作用提供理论依据。[方法]采用组织分离法、浓度梯度稀释法对香梨树皮的微生物进行分离, 基于形态特征和分子生物学特征对分离得到的菌株进行分类鉴定, 并对树皮微生物的多样性、群落结构及功能性特征进行分析。[结果]共分离获得 532 株真菌和细菌, 经鉴定隶属于 5 门 12 纲 21 目 32 科 42 属。患腐烂病不同侵染阶段的香梨树皮微生物组成存在明显差异。健康树皮微生物中, 优势细菌属为厚壁菌门芽孢杆菌属 (*Bacillus*)、放线菌门链霉菌属 (*Streptomyces*) 和变形菌门假单胞菌属 (*Pseudomonas*), 优势真菌属为半知菌亚门曲霉属 (*Aspergillus*)、子囊菌门篮状菌属 (*Talaromyces*) 和子囊菌门青霉属 (*Penicillium*)。在腐烂病发生的树皮, 厚壁菌门芽孢杆菌属、放线菌门链霉菌属的细菌与半知菌亚门曲霉属、子囊菌门青霉属的真菌的分离频率显著下降, 变形菌门欧文氏菌属 (*Erwinia*)、变形菌门泛菌属 (*Pantoea*) 的细菌与子囊菌门黑腐皮壳属 (*Valsa*)、子囊菌门亚隔孢壳属 (*Didymella*) 的真菌分离频率显著上升。其中厚壁菌门芽孢杆菌属、子囊菌门篮状菌属、放线菌门链霉菌属和变形菌门假单胞菌等有益微生物在患病树皮中大量分离。子囊菌门黑腐皮壳属、变形菌门欧文氏菌属、变形菌门泛菌属和子囊菌门亚隔孢壳属等引起植物病害的微生物分离频率在树皮发病部位显著提高。在功能性测试中, 筛选得到 73 株微生物可抑制香梨树腐烂病优势菌 *Valsa pyri* 的生长, 抑菌率达 25% 以上; 12 株菌具有产蛋白酶能力; 5 株菌具有固氮能力; 14 株菌具有溶磷能力; 24 株菌具有产嗜铁素能力。[结论]库尔勒香梨树皮微生物多样性丰富, 患腐烂病不同侵染阶段香梨树皮微生物的群落结构具有显著差异, 且香梨树腐烂病的发生对可培养微生物群落特征具有重要影响。本研究结果为揭示香梨树皮微生物在腐烂病发生中的作用提供理论依据。

关键词: 香梨树皮; 腐烂病; 可培养微生物; 多样性; 功能菌

基金项目: 国家自然科学基金-新疆联合基金重点支持项目 (U1903206);

*通讯作者(Author for correspondence), E-mail: wang-lan95@163.com

作物抗逆与高效生产全国重点实验室开放课题 (SKLCSRHPKF19)