

抗感白粉病青稞的内生真菌群落差异分析

王生萍¹, 卓玛曲措¹, 陈娟², 蒋先芝², 旺姆^{1*}

1 西藏农牧学院植物科学学院, 西藏 林芝 860001

2 慕恩(广州)生物科技有限公司, 广东 广州 510535

摘要: 种子内生微生物组与种子的健康发育有着密切的关系。本研究收集对白粉病抗病和易感共 11 个品种的青稞种子, 利用扩增子测序技术对内生真菌的群落、丰度和多样性进行研究。从不同品种的青稞种子中共鉴定 4 个门、17 个纲、35 个目、66 个科、107 个属的内生真菌, 其中子囊菌门 Ascomycota、担子菌门 Basidiomycota 和被孢菌门 Mortierellomycota 是优势菌门; 链格孢属 *Alternaria*、微座孢属 *Microdochium*、亚隔孢壳属 *Didymella*、镰刀菌属 *Fusarium* 和球腔菌属 *Mycosphaerella* 为优势菌属。根据生物信息学注释结果, 在鉴定到的 107 个属中, 抗病品种的青稞种子中特有的属有 20 个, 感病品种的青稞种子中特有的属有 50 个; 通过对两组样本的分析, 发现感病品种中真菌物种多样性高于抗病品种。本研究通过扩增子测序技术初步确定了青稞抗、感白粉病两组样品中的真菌群落结构和优势菌群, 为进一步研究青稞内携真菌与抗/感病的关系提供了基础, 从内生菌的角度为青稞白粉病的防控提供新的策略。

关键词: 抗性; 物种多样性; 群落结构

[引用本文] 王生萍, 卓玛曲措, 陈娟, 蒋先芝, 旺姆, 2022. 抗感白粉病青稞的内生真菌群落差异分析. 菌物学报, 41(12): 1950-1959

Wang SP, Zhuo MQC, Chen AJ, Jiang XZ, Wang M, 2022. Difference of endophytic fungal communities between highland barley cultivars resistant and susceptible to powdery mildew. Mycosystema, 41(12): 1950-1959

基金项目: 西藏自治区重点研发及转化项目(XZ202001ZY0043N)

Supported by the Key Research and Development and Transformation Projects of Tibet Autonomous Region (XZ202001ZY0043N).

*Corresponding author. E-mail: wangmutb@163.com

ORCID: WANG Shengping (0000-0002-4818-5599)

Received: 2022-02-21, accepted: 2022-04-12

Difference of endophytic fungal communities between highland barley cultivars resistant and susceptible to powdery mildew

WANG Shengping¹, ZHUO Maqucuo¹, CHEN Amandajuan², JIANG Xianzhi², WANG Mu^{1*}

¹ College of Plant Science, Tibet Agricultural and Animal Husbandry University, Nyingchi 860001, Tibet, China

² Moon (Guangzhou) Biotech Co. Ltd., Guangzhou 510535, Guangdong, China

Abstract: The endophytic microbiome in seeds is closely related to the healthy development of seeds. In this study, the seeds of 11 highland barley varieties resistant or susceptible to powdery mildew were collected and subjected to amplicon sequencing to investigate the community, abundance and diversity of endophytic fungi. Endophytic fungi belonging to 4 phyla, 17 classes, 35 orders, 66 families and 107 genera were identified. Ascomycota, Basidiomycota and Mortierellomycota were the dominant phyla. *Alternaria*, *Microdochium*, *Didymella*, *Fusarium* and *Mycosphaerella* were the dominant genera. The results of bioinformatics annotation show that among the 107 genera identified, 20 are specific in the seeds of resistant varieties and 50 are specific in the seeds of susceptible varieties. The fungal species diversity of susceptible cultivars was higher than that of resistant cultivars. This study provides a basis for further study on the relationship between endophytic fungi and resistance or susceptibility of highland barley to powdery mildew. It is hopeful to develop new strategies for disease prevention and control.

Keywords: resistance; species diversity; community structure

青稞 *Hordeum vulgare* L. var. *nudum* Hook. f. 为禾本科大麦属，是栽培大麦的一个变种，因其成熟时籽粒内外稃与颖果分离，籽粒裸露，故又称裸大麦(黄海蛟等 2020)。青稞白粉病是由布氏白粉菌属大麦专化型活体寄生菌 *Blumeria graminis* f.sp. *hordei* (Bgh)引起的真菌病害(魏玲玲等 2020)，青稞主要种植区域在西藏自治区、青海省的全境及甘肃省、四川省和云南省的局部地区，青稞适宜生长在高原清凉气候地区，耐寒性强，生长期短，高产早熟，适应性广。青稞生产不但带动了藏区的经济发展，还对社会稳定具有重要的意义，作为西藏地区最主要的粮食作物，青稞籽粒含有丰富的营养成分和生理活性物质，具有较高的营养价值和医药保健作用，秸秆也是主要饲草(关卫星等 2019)。

白粉病作为青稞主要病害之一，严重阻碍了

青稞生产，降低经济效益，而选育抗病品种是防治白粉病最经济、安全和绿色的方法，不同品种应对白粉病的反应不同，造成此结果的原因要从各方面进行探索，魏玲玲等(2021)研究发现一组促进青稞适应环境的基因，此基因在调节植物内激素促使植物抵抗病原菌方面也有明显效果，并明确了抗白粉病基因主要通过调节植物激素、离子通道和钙依赖蛋白激酶等生物过程进行表达。刘畅(2017)用分子生物学方法鉴定并筛选出了簇毛麦抗白粉病相关基因，为培育理想的抗白粉病品种提供了依据。除了从基因方面着手筛选抗性品种外，从微生物组方面来看，植物中的内生菌普遍存活在植物各个部位、组织和细胞中，是植物微生态系统不可或缺的部分，植物内生有益微生物具有防治线虫、促生、抗病害、抗逆境和分解有毒物质等作用(张翼翹 2019)，内生菌与

植物在长期共存的状态下互利互惠、相互适应，共同生长进化，形成独特的微生物群落，不同的微生物群落对植物生长的影响各不相同。

近年来，扩增子测序在植物内生菌方面的研究中发挥着重要的作用，能对不同植物的不同部位微生物进行全面系统地分析(杜贞娜等 2021；黎琪等 2021)。利用扩增子测序技术，对 11 个不同来源的红茶菌中微生物多样性进行分析发现：所有样品中的优势细菌均为葡糖醋杆菌属，而不同红茶菌样品中优势真菌表现不同，非优势细菌和优势真菌不同程度地影响红茶菌的风味。王启和刘广达(2020)找到一种新的利用扩增子测序方法，更高效地检测丛枝菌根真菌，不仅提高了检测效率，准确度也更高。随着对未知群落的认识越来越深入，信息技术也在不断提升，16S/18S/ITS 扩增子测序等方法不断更新，基于核糖体 RNA 基因的扩增子测序技术被广泛用于各种生态系统中微生物群落的多样性检测。扩增子测序的使用极大地促进了土壤、水体和空气等环境中微生物生态的相关研究(吴悦妮等 2020)。

本文基于宏基因组 ITS (internal transcribed spacer)测序，明确青稞抗感白粉病不同品种间微生物群落的差异，挖掘青稞抗感白粉病相关的内生菌，为筛选新型生物防治菌株以及揭示青稞抗

白粉病微生物组机理提供理论支撑。

1 材料与方法

1.1 青稞样品的采集

采集西藏农牧学院农场(西藏自治区林芝市巴宜区)种植的青稞种子，在拉萨、山南、日喀则、林芝、昌都 5 个地区重复 2 年种植后，调查白粉病发生情况，选取对白粉病高抗品种和高感品种(表 1)进行后续试验。

1.2 青稞种子 DNA 提取

将青稞种子置于纸信封内 4℃ 保藏，待提取 DNA 时每个样品称取 2.5 g，装于滤球中，在超声波清洗机中清洗 3 min，用无菌水冲洗后在超净工作台中操作，5%的次氯酸钠溶液消毒 5 min，用无菌水清洗 3 次后，放入 75%乙醇中 5 min，再用无菌水冲洗 3 次，吸取最后一次清洗的无菌水 40 μL 置于培养基上，5–7 d 后观察是否有菌落长出，检验表面消毒效果。用滤纸吸干种子表面水分待其晾干后，装入事先已消毒灭菌的搅拌机中打碎至颗粒状，将打碎的样品装入 2 mL 离心管中，0.15 g/管，加入钢珠。

用 Fast DNA Spin Kit for Soil (MP Biomedicals)试剂盒进行青稞种子样品微生物基因组 DNA 的提取，基因组 DNA 提取完成后，以此作为模板，

表 1 抗病/感病青稞品种信息

Table 1 Information of resistant/susceptible barley varieties

抗性 Resistance	品种 Variety	编号 Number	收获地 Harvest location	品种来源 Variety source
抗病材料 Resistant	山春 1 号 Shanchun No. 1	S12636	西藏林芝市 Nyingchi, Tibet	西藏 Tibet
	p-04b	S12660	西藏林芝市 Nyingchi, Tibet	西藏 Tibet
	p-08A	S12661	西藏林芝市 Nyingchi, Tibet	西藏 Tibet
	P-24	S12671	西藏林芝市 Nyingchi, Tibet	西藏 Tibet
	P-29	S12672	西藏林芝市 Nyingchi, Tibet	西藏 Tibet
感病材料 Susceptible	喜马拉雅 19 号 Himalayas No. 19	S12639	西藏林芝市 Nyingchi, Tibet	西藏 Tibet
	花 30 Hua No. 30	S12640	西藏林芝市 Nyingchi, Tibet	西藏 Tibet
	昆仑 18 Kunlun No. 18	S12642	西藏林芝市 Nyingchi, Tibet	青海 Qinghai
	藏青 2000 Tibetan No. 2000	S12647	西藏林芝市 Nyingchi, Tibet	西藏 Tibet
	甘青 4 号 Ganqing No. 4	S12655	西藏林芝市 Nyingchi, Tibet	甘肃 Gansu
	肚里黄 1 号 Duli Huang No. 1	S12656	西藏林芝市 Nyingchi, Tibet	青海 Qinghai

通过 1%琼脂糖凝胶电泳检测提取的基因组 DNA。扩增引物使用真菌通用引物 ITS4 (5'-TCC GTSGGTGAACCTGCGG-3') 0.6 μ L、ITS5 (5'-T CCTCCGCTTATTGATATGC-3') 0.6 μ L (Sangon Biotech), 2 $\times$ Fine Taq PCR supermix (+dye) 12 μ L, 二甲基亚砜(DMSO) 1 μ L, ddH₂O 10.8 μ L。PCR 循环扩增步骤为: 94 $^{\circ}$ C 4 min; 94 $^{\circ}$ C 40 s, 54 $^{\circ}$ C 30 s, 72 $^{\circ}$ C 1 min, 27 个循环; 72 $^{\circ}$ C 10 min, 10 $^{\circ}$ C 保温 30 min。北京诺禾源科技股份有限公司进行青稞基因组的 ITS 区扩增子测序。

1.3 生物信息分析

使用 mothur 软件的 rarefaction.single 命令制作稀释性曲线, 通过 R 软件进行稀释曲线图的绘制, 根据稀释曲线的结果来判断测序量是否足够。使用 mothur 97%的相似度为阈值对序列进行 OTU 聚类(<https://mothur.org/wiki/Cluster>)。利用 blastn 工具采用 RDPclassifier 贝叶斯算法将相似度>90%且覆盖率>90%的 OTU 序列提交到 18S 真菌核糖体代谢数据库、ITS 真菌核糖体数据库和功能基因数据库比对, 保留同时满足, 进行分类学比对分析(孙善峰等 2019), 每个样本在各个分类学水平[kingdom (界)、phylum (门)、class (纲)、order (目)、family (科)、genus (属)、species (种)]的数量上进行统计, 并统计群落组成, 基于丰度前 15 的物种采用累积柱状图比较样本间的物种组成差异, 并进行列表展示(Ban *et al.* 2021)。最后利用 R 软件的 gplots package 对物种分类学统计结果进行作图。

2 结果与分析

2.1 测序深度分析

本文共测序 2 组 11 个样品, 随着测序深度的增加, 样本稀释曲线均趋于平缓趋势, 当测序深度在 38 404–49 377 时, 测序数据达到饱和(图 1)。表明本次测序数据合理, 能够覆盖青稞种子内生真菌群落中的绝大多数物种, 其真菌群

落具有丰富的群落多样性。继续增加测序的深度对样品信息贡献量很小。

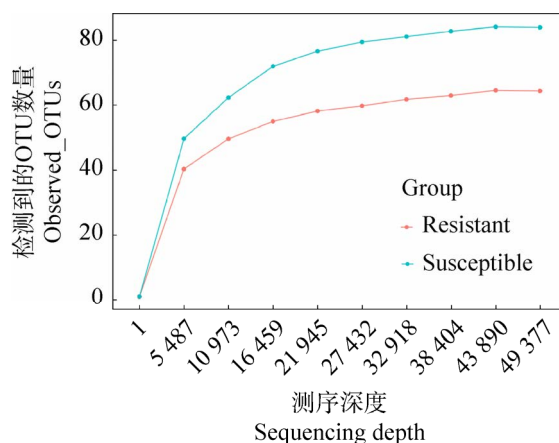


图 1 样品真菌稀释度曲线

Fig. 1 Dilution curve of sample fungi.

2.2 抗/感白粉病青稞内生真菌 α 多样性差异

对获得的抗感白粉病两组样品进行 α 多样性分析, 包括群落多样性指数(Shannon-Weiner index)、物种均匀度指数(Pielou's evenness index)和系统发育多样性指数(Faith's index), 各样品多样性指数结果见表 2, 样品的多样性分析结果显示感病材料的群落多样性指数、物种均匀度指数和系统发育多样性指数均高于抗病材料。对单个样品的多样性来说, 喜马拉雅 19 号中 OTU 最多为 141 个; 群落多样性前 5 种从高到低依次为花 30>肚里黄 1 号>P-29>藏青 2000>喜马拉雅 19 号; 物种均匀度指数前 5 种从高到低依次为花 30>藏青 2000>肚里黄 1 号>p-08A>P-29; Faith's index 反映了群落功能多样性(苏宇乔等 2017), 前 5 种从高到低依次为肚里黄 1 号>P-29>喜马拉雅 19 号>藏青 2000>甘青 4 号, 根据多样性指数可知, 群落多样性高的品种多为感病品种。

根据两组样品的 α 多样性箱线图(图 2), 两组间物种均匀度指数差异不明显, 感病品种中群落多样性指数、系统发育多样性指数和观察到的物种数量均高于抗病品种。

表 2 青稞种子内携真菌物种 α 多样性分析
Table 2 Alpha diversity analysis of barley seed carrying fungi

抗性 Resistance	编号 Number	操作分类单元 OTUs	群落多样性指数 H Shannon-Weiner index	物种均匀度指数 P Pielou's evenness index	系统发育多样性指数 F Faith's index
抗病材料 Resistant cv.	S12636	60	1.258	0.213	11.751
	S12660	51	2.006	0.353	9.445
	S12661	42	2.177	0.403	7.811
	S12671	59	2.165	0.368	12.942
	S12672	114	2.732	0.399	26.167
感病材料 Susceptible cv.	S12639	141	2.321	0.325	25.976
	S12640	53	3.167	0.552	8.282
	S12642	47	1.054	0.189	9.166
	S12647	71	2.690	0.437	19.123
	S12655	71	2.025	0.329	15.046
	S12656	123	2.871	0.413	26.988

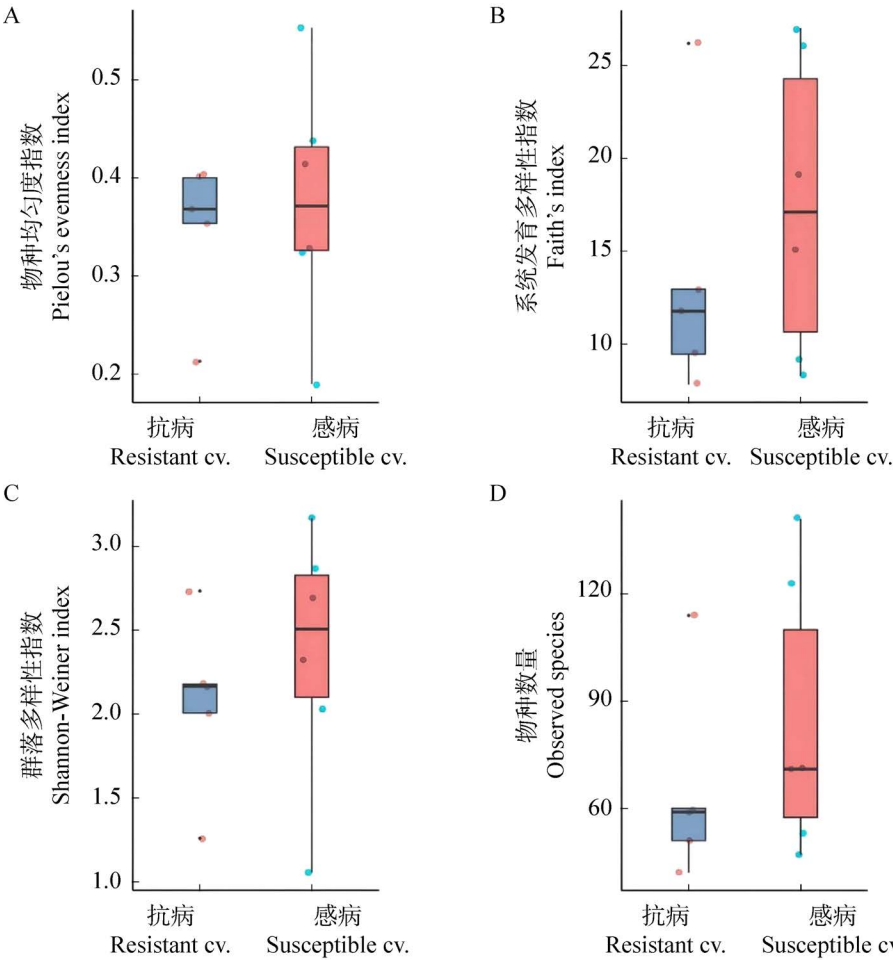


图 2 抗/感白粉病品种真菌群落的 α 多样性 A: 物种均匀度指数; B: 系统发育多样性指数; C: 群落多样性指数; D: 物种数量

Fig. 2 Alpha diversity of fungal communities of highland barley varieties resistant/susceptible to powdery mildew. A: Evenness index; B: Faith's phylogenetic diversity; C: Shannon diversity; D: Observed species.

2.3 抗/感白粉病青稞内生真菌群落组成

2.3.1 青稞内携真菌微生物总群落分析

通过对青稞种子基因组 DNA 进行 ITS 扩增子测序, 根据注释结果, 样本共鉴定为 4 个门、17 个纲、35 个目、66 个科、107 个属, 在门水平上, 优势菌门有 Ascomycota、Basidiomycota 和 Mortierellomycota, 其中 Ascomycota 为绝对优势菌门, 其相对丰度为 10.42。在属水平上优势属及其相对丰度依次为: *Alternaria* (2.639)、*Microdochium* (2.051)、*Didymella* (1.886)、*Fusarium* (1.086)、*Mycosphaerella* (0.975)、赤壳属 *Nectria* (0.830)、枝孢属 *Cladosporium* (0.475)、*Cystofilobasidium* (0.289)、黑孢属 *Nigrospora* (0.148)、*Mrakia* (0.136)、*Parastagonospora* (0.088)、多孢菌属 *Pleospora* (0.080)、黑粉菌属 *Ustilago* (0.078)、红酵母属 *Rhodotorula* (0.036)和离蠕孢属 *Bipolaris* (0.033); 其中无法归类的所有物种丰度总和为 0.005。

2.3.2 抗/感白粉病不同品种优势菌群的组成

通过对抗病、易感病两组样品物种在门水平和属水平下的相对丰度比较, 在门水平下(图 3A), 两组样品中相对丰度最高的均为 Ascomycota, Basidiomycota 次之; 球囊菌门 Glomeromycota 为抗病品种特有, 壶菌门 Chytridiomycota 和罗兹菌门 Rozellomycota 为易感病样品特有。在属水平下两组样品优势菌群见图 3B, 抗病品种相对丰度从高到低前 5 属依次为 *Alternaria* (1.787)、*Microdochium* (0.856)、*Mycosphaerella* (0.840)、*Fusarium* (0.449)和 *Cystofilobasidium* (0.284); 易感病品种中相对丰度从高到低前 5 属依次为 *Didymella* (1.661)、*Microdochium* (1.195)、*Alternaria* (0.852)、*Nectria* (0.682)和 *Fusarium* (0.636)。

PCoA 图显示抗病/感病青稞样品的矩阵距离很近(图 4), 说明这两组样品的真菌群落组成相似度较高, 其群落结构不同, 但进行统计分析后发现差异不显著。

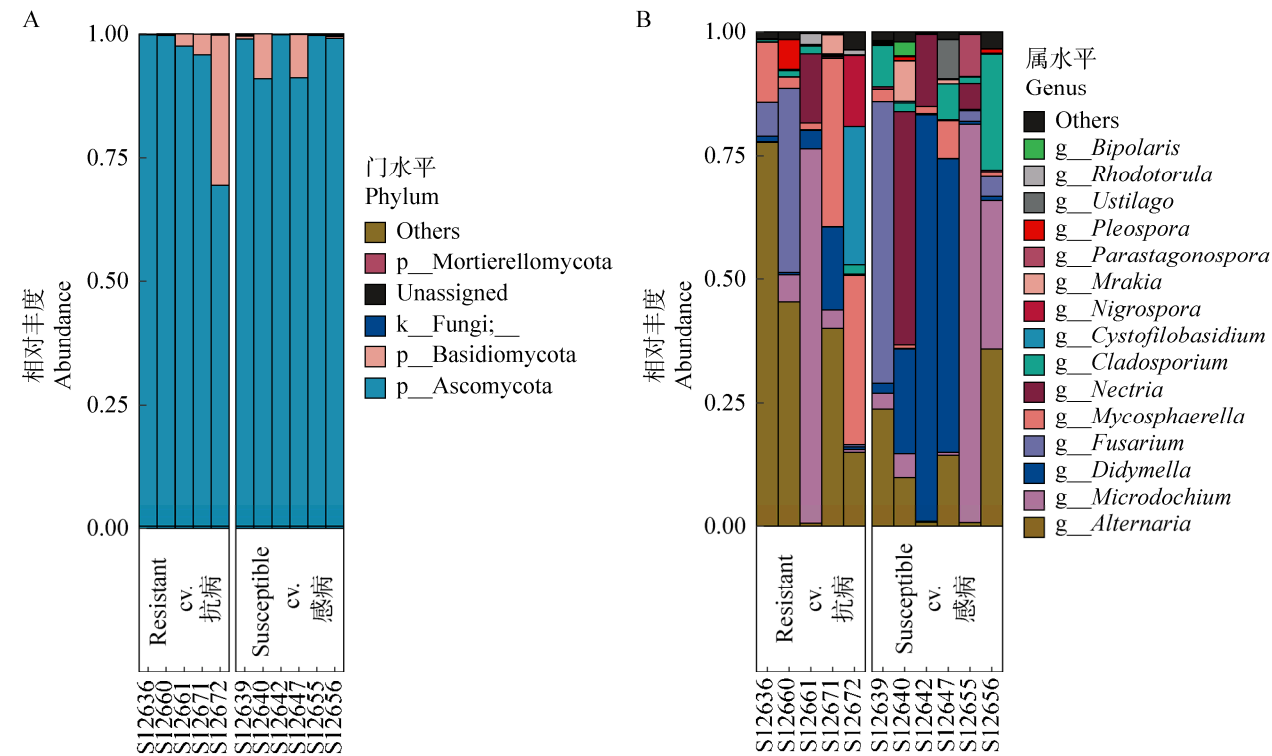


图 3 青稞种子内携真菌在门(A)、属(B)水平下的相对丰度图
Fig. 3 Relative abundance of fungi carried in barley seeds at phylum (A) and genus (B) levels.

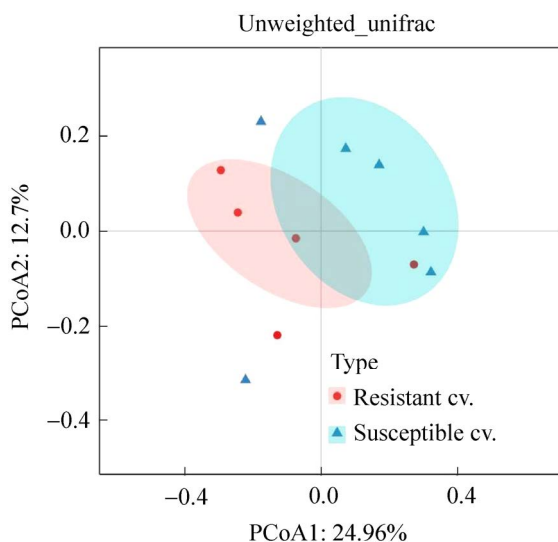


图 4 感病/抗病品种真菌群落结构的主坐标分析 (PCoA)

Fig. 4 PCoA analysis of fungal community composition in cultivars of highland barley susceptible or resistant to power mildew.

通过比较两组样品相同属的相对丰度, Liu *et al.* (2011)发现抗病品种中 *Cystofilobasidium* 是感病品种中的 70 余倍, *Cystofilobasidium infirmominiatum* 对梨、甜樱桃和苹果等多种水果采后病害具有较强的防治效果。*Nigrospora* 被认为是丰富次生代谢产物的来源之一,能够产生抗生素、灰黄霉素和脂类等多种次生代谢产物,因此将黑孢属的菌种与其他拮抗菌共培养来加强拮抗菌的防治效果(Rukachaisirikul *et al.* 2010)。在抗病品种中, *Mycosphaerella*、*Pleospora* 的相对丰度高于感病品种,但是否与植物抗病性有关,暂无相关研究。

在感病品种中相对丰度远高于抗病品种的属多为病原菌属, *Cladosporium* 为多种植物病害病原菌(Carolina Virginia *et al.* 2019); *Didymella* 中包括大量的植物病原、腐殖质和内生种,与广泛的寄主有关(Pambuka *et al.* 2021)。感病品种中的 *Cladosporium* 和 *Didymella* 的相对丰度是抗病品种的 7 倍; *Parastagonospora* 为麦类白粉病(El-Demerdash *et al.* 2022)、褐斑病(Czembor *et al.*

2019)和叶斑病(Bartosiak *et al.* 2021)的病原菌,在感病品种中的相对丰度为 0.086,而抗病品种中仅有 0.002,是抗病品种的 40 倍多; *Ustilago* 是多种黑穗病病原菌(Schweizer *et al.* 2021),在感病品种中的相对丰度为 0.078,在抗病品种中仅为 0.000 3。根据注释结果,样本鉴定到 107 个属中,抗病样品中特有的属有 20 个,而感病样品中特有的属有 50 个,其中的病原菌较多(表 3),虽然表 3 中在青稞中潜在的病原菌并不是中国检疫名录中的物种,但在病原菌与种子共生的过程中,环境条件适宜时,也可能导致青稞病害的发生。

3 讨论

本研究采集了抗白粉病和易感白粉病品种的两组青稞种子,通过扩增子测序探究两组样品内携真菌微生物群落差异,从样本中共鉴定 4 个门、17 个纲、35 个目、66 个科、107 个属。在门水平上,优势菌门有 Ascomycota、Basidiomycota、Mortierellomycota,其中 Ascomycota 为绝对优势菌门,其相对丰度为 10.42;在属水平上,优势菌属有 15 种。通过对抗病、易感病两组样品在门水平和属水平下的相对丰度比较,在门水平下,两组样品中相对丰度最高的均为 Ascomycota, Basidiomycota 次之, Glomeromycota 为抗病品种特有, Chytridiomycota 和 Rozellomycota 为易感病样品特有。通过对两组样品优势菌属进行比较,抗病品种中相对丰度从高到低前 5 属依次为 *Alternaria*、*Microdochium*、*Mycosphaerella*、*Fusarium* 和 *Cystofilobasidium*; 易感病品种中相对丰度从高到低前 5 属依次为 *Didymella*、*Microdochium*、*Alternaria*、*Nectria* 和 *Fusarium*。

仅在抗病品种中存在的多种真菌类群具有抗菌、促进植物生长等作用,其中 *Ceriporia* 具有促进植株吸收土壤中氮磷钾的能力(Yin *et al.* 2021), *Chaetomium* 中的变绿毛壳霉具有抗菌作用

表 3 青稞种子感病品种中潜在的植物病原真菌
Table 3 Potential plant pathogenic fungi in seeds of highland barley susceptible varieties

属名	为害作物/病害	参考文献
Genus	Crops/Disease	References
<i>Lasiodiplodia</i>	柑橘腐烂病 <i>Geotrichum citri-aurantii</i> rot	Chen <i>et al.</i> 2021
<i>Septoria</i>	番茄叶斑病 <i>Solanum lycopersicum</i> leaf spot	Ajaz <i>et al.</i> 2021
<i>Selenophoma</i>	叶斑病 Leaf spot	Abiko 1976
<i>Corynespora</i>	棒孢叶斑病 <i>Corynespora</i> leaf spot	秦健等 2022
		Qin <i>et al.</i> 2022
<i>Epicoccum</i>	叶斑病 Leaf spot	Chang <i>et al.</i> 2021
<i>Ophiosphaerella</i>	叶枯斑病 Leaf spot blight	Flores <i>et al.</i> 2017
<i>Curvularia</i>	玉米叶斑病 Corn leaf spot	Zhang <i>et al.</i> 2021
<i>Exserohilum</i>	玉米灰霉病 Corn gray mold	Navarro <i>et al.</i> 2021
	叶斑病 Leaf spot	Dhara <i>et al.</i> 2020
<i>Blumeria</i>	白粉病 Powdery mildew	王巧慧等 2021
		Wang <i>et al.</i> 2021
<i>Chaetomella</i>	褐斑病 Corn brown spot	Alam <i>et al.</i> 2021
	叶斑病 Leaf spot	
<i>Gibellulopsis</i>	向日葵黄萎病 Sunflower <i>Verticillium</i> wilt	赵英杰 2018
		Zhao 2018
<i>Verticillium</i>	板栗黄萎病 Chinese chestnut <i>Verticillium</i> wilt	孙婷婷等 2021
	茄子黄萎病 Eggplant <i>Verticillium</i> wilt	Sun <i>et al.</i> 2021
<i>Rhizoctonia</i>	烟草靶斑病 Tobacco target spot	Sempere <i>et al.</i> 2021
	苜蓿纹枯病 Alfalfa sheath blight	

(宋忠和等 2021), *Sodiomyces* 具有抗菌潜力并可作为新型抗菌剂的备选菌种(Kuvarina *et al.* 2021)。仅在感病品种中出现的类群多为病原菌,就生物信息学分析而言,感病品种中物种多样性更为丰富,与感病品种中病原菌种类较多有关;就两组品种间共有的属相对丰度比较而言,抗病品种中相对丰度高的几个属具有一定的防治病原菌效果,而感病品种中相对丰度较高的属为多种病害的病原菌,例如麦类白粉病、褐斑病、叶斑病和黑穗病病原菌等。青稞对白粉病感病/抗病两组样品的真菌群落组成相似度较高,其群落结构具有一定差异,但进行统计分析后发现差异性不显著。

本研究借助扩增子测序和生物信息学技术,初步确定了青稞内携真菌菌群的群落结构和优势菌群,并初步分析了抗白粉病与易感白粉病品种间的菌群差异、两组之间优势菌群相对丰度差异大的菌属及其功能,但这些内生菌能否从微生

物角度应用到防治青稞白粉病的工作中还需进一步研究。

[REFERENCES]

Abiko K, 1976. *Selenophoma* leaf spot, a new disease of dendrobium in Japan. The Phytopathological Society of Japan, 42(3): 261-265

Ajaz S, Benbow HR, Christodoulou T, Uauy C, Doohan FM, 2021. Evaluation of the susceptibility of modern, wild, ancestral, and mutational wheat lines to *Septoria tritici* blotch disease. Plant Pathology, 70(5): 1123-1137

Alam MW, Malik A, Rehman A, Hameed A, Sarwar M, Chohan TA, Mushtaq R, Hussain M, Hussain D, Shafeeq T, 2021. First record of *Chaetomium globosum* causing leaf spot of pomegranate in Pakistan. Plant Disease, 105(8): 2241

Ban LP, Li JD, Yan M, Gao YH, Zhang JJ, Moural TW, Zhu F, Wang XM, 2021. Illumina sequencing of 18S/16S rRNA reveals microbial community composition, diversity, and potential pathogens in 17 turfgrass seeds. Plant Disease, 105(5): 1328-1338

Bartosiaik SF, Arseniuk E, Szechyńska-Hebda M, Bartosiaik E, 2021. Monitoring of natural occurrence and severity of leaf and glume blotch disease of winter wheat and winter

- triticale incited by necrotrophic fungi *Parastagonospora* spp. and *Zymoseptoria tritici*. *Agronomy*, 11(5): 1-18
- Carolina Virginia T, Javier Néstor A, Adrián Dario C, Graciela Noemí P, 2019. *Cladosporium* species causing “Cladosporium rot” on “Bosc” pear fruit in Argentina. *Revista Argentina de Microbiologia*, 53(1): 75-77
- Chang CC, Li CY, Tsai YH, El-Shazly M, Wei CK, Yang ZJ, Chen SL, Wu CC, Wu YC, Chang FR, 2021. Bioactive polyketides from the pathogenic fungus of *Epicoccum sorghinum*. *Planta*, 253(6): 116
- Chen JH, Zhu ZH, Fu YP, Cheng JS, Xie JT, Lin Y, 2021. Identification of *Lasiodiplodia pseudotheobromae* causing fruit rot of citrus in China. *Plants*, 10(2): 202
- Czembor PC, Arseniuk E, Radecka-Janusik M, Piechota U, Słowacki P, 2019. Quantitative trait loci analysis of adult plant resistance to *Parastagonospora nodorum* blotch in winter wheat cv. Liwilla (*Triticum aestivum* L.). *European Journal of Plant Pathology*, 155(3): 1001-1016
- Dhara B, Maity A, Mondal P, Mitra AK, 2020. First report of *Exserohilum* leaf spot: a unique halophilic pathogen in *Cucumis sativus* in the South Bengal area of India. *Australasian Plant Pathology*, 49: 257-266
- Du ZN, Cheng F, Shan ZC, Guo HY, Sun JQ, Zang W, 2021. High-throughput sequencing technology and its application in microbial diversity research of huangjiu. *China Brewing*, 40(8): 14-19 (in Chinese)
- El-Demerdash A, Borde C, Genta-Jouve G, Escargueil A, Prado S, 2022. Cytotoxic constituents from the wheat plant pathogen *Parastagonospora nodorum* SN15. *Natural Product Research*, 36(5): 1273-1281
- Flores FJ, Marek SM, Orguera G, Walker NR, 2017. Molecular identification and multilocus phylogeny of *Ophiosphaerella* species associated with spring dead spot of bermudagrass. *Crop Science*, 57(S1): S249
- Guan WX, Yang Y, Dong KN, Zhang SY, Luo LM, 2019. Preliminary study on effect of accumulated temperature and soil nutrients on yield of new highland barley varieties (lines) in high altitude areas of Tibet. *Tibet Journal of Agricultural Sciences*, 41(4): 32-36 (in Chinese)
- Huang HJ, Li Y, Gao XL, Tian PJ, Nima YZ, Laba ZX, Ci Z, Wei XH, Qu J, Liao WH, 2020. Analysis and evaluation of grain nutritional quality of the highland hullless barley in Tibet. *Journal of Triticeae Crops*, 40(12): 1479-1485 (in Chinese)
- Kuvarina AE, Georgieva ML, Rogozhin EA, Kulko AB, Gavryushina IA, Sadykova VS, 2021. Antimicrobial potential of the alkalophilic fungus *Sodiomyces alkalinus* and selection of strains—producers of new antimicrobial compound. *Applied Biochemistry and Microbiology*, 57(1): 86-93
- Li Q, Wang Q, Tan XY, Li XM, Zhang XL, 2021. Analysis of microbial diversity from different kombucha using amplicon sequencing. *Food and Fermentation Industries*, 47(18): 267-274 (in Chinese)
- Liu C, 2017. Identification of wheat exogenous resistance-related genes and pathogen-derived effector proteins based on transcriptomes under powdery mildew stress. Master Thesis, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing. 1-58 (in Chinese)
- Liu J, Wisniewski M, Droby S, Vero S, Tian SP, HersHKovitz V, 2011. Glycine betaine improves oxidative stress tolerance and biocontrol efficacy of the antagonistic yeast *Cystofilobasidium infirmominatum*. *International Journal of Food Microbiology*, 146(1): 76-83
- Navarro BL, Campos RA, Gasparoto M, von Tiedemann A, 2021. *In vitro* and in planta studies on temperature adaptation of *exserohilum turcicum* isolates from maize in Europe and South America. *Pathogens*, 10(2): 154
- Pambuka GT, Kinge TR, Ghosh S, Cason ED, Nyaga MM, Gryzenhout M, 2021. Baseline data of the fungal phytobiome of three sorghum (*Sorghum bicolor*) cultivars in South Africa using targeted environmental sequencing. *Journal of Fungi*, 7(11): 978
- Qin J, Liu XL, Kang DX, Li Y, Huang RK, Wu YG, 2022. Identification of pathogen from *Corynespora* leaf spot on balsam pear in Guangxi. *Acta Phytopathologica Sinica*, 1-7 (in Chinese)
- Rukachaisirikul V, Khamthong N, Sukpondam Y, Phongpaichit S, Hutadilok-Towatana N, Graidist P, Sakayaroj J, Kirtikara K, 2010. Cyclohexene, diketopiperazine, lactone and phenol derivatives from the sea fan-derived fungi *Nigrospora* sp. PSU-F11 and PSU-F12. *Archives of Pharmacal Research*, 33(3): 375-380
- Schweizer G, Haider MB, Barroso GV, Rössel N, Münch K, Kahmann R, Dutheil JY, 2021. Population genomics of the maize pathogen *Ustilago maydis*: demographic history and role of virulence clusters in adaptation. *Genome Biology and Evolution*, 13(5): evab073
- Sempere FF, Asamar J, Castell V, Rosell J, Santamarina MP, 2021. Evaluating the antifungal potential of botanical compounds to control *Botryotinia fuckeliana* and *Rhizoctonia solani*. *Molecules*, 26(9): 2472
- Song ZH, Wang J, Yang T, Hou DB, Yuan XH, Li GY, 2021. Secondary metabolites from fungus *Chaetomium virescens* CIB608 and their antimicrobial activity. *Chinese Journal of Applied and Environmental Biology*, 27(4): 1078-1084
- Su YQ, Zhang Y, Jia XR, Xue YG, 2017. Application of several diversity indexes in forest community analysis.

- Ecological Science, 36(1): 132-138 (in Chinese)
- Sun SF, Huang XN, Han BZ, Chen JY, 2019. Amplicon sequencing analysis enhancing the understanding on microbial diversity of traditional Chinese fermented foods. *China Brewing*, 38(5): 1-5 (in Chinese)
- Sun TT, Zhao MH, Li SM, Hu BZ, Meng LB, 2021. Advances in research on *Verticillium* wilt of eggplant. *China Cucurbits and Vegetables*, 34(4): 8-14 (in Chinese)
- Wang Q, Liu GD, 2020. A method for detecting arbuscular mycorrhizal fungi based on amplicon sequencing. *Genomics and Applied Biology*, 39(12): 5617-5624 (in Chinese)
- Wang QH, Gu JH, Guo H, Lü SK, Ji WQ, Zhang H, 2021. Construction and utilization of wheat yeast two hybrid library under the infection of *Blumeria graminis* f. sp. *tritici*. *Journal of Triticeae Crops*, 41(2): 127-133 (in Chinese)
- Wei LL, Wang M, Zeng XQ, 2020. A wide range of targeted metabolome studies on resistance to powdery mildew in qingke barley. *Journal of Plateau Agriculture*, 4(3): 239-243, 276 (in Chinese)
- Wei LL, Wang YL, Yuan HJ, Wang M, Zeng XQ, 2021. Long non-coding RNAs profiling of qingke barley in Tibet under the condition of *Blumeria graminis* infection. *Molecular Plant Breeding*, 19(17): 5581-5590 (in Chinese)
- Wu YN, Feng K, Li SZ, Wang ZJ, Zhang ZJ, Deng Y, 2020. In-silico evaluation and improvement on 16S/18S/ITS primers for amplicon high-throughput sequencing. *Microbiology China*, 47(9): 2897-2912 (in Chinese)
- Yin J, Sui ZM, Huang JG, 2021. Mobilization of soil inorganic phosphorus and stimulation of crop phosphorus uptake and growth induced by *Ceriporia lacerata* HG2011. *Geoderma*, 383: 114690
- Zhang JX, Shen HF, Zhang YQ, Pu XM, Yang QY, Wang FZ, Sun DY, Lin BR, 2021. First report of *Curvularia gladioli* causing leaf spots on *Gladiolus gandavensis* in China. *Plant Disease*, 21(1): 16
- Zhang YX, 2019. Endophytic microorganisms and their potential applications in crop management. *World Pesticides*, 41(4): 31-36 (in Chinese)
- Zhao YJ, 2018. The mechanism of resistance to *Verticillium* wilt on sunflower induced by *Gibellulopsis nigrescens* Vn-1. Master Thesis, Inner Mongolia Agricultural University, Hohhot. 1-64 (in Chinese)
- [附中文参考文献]
- 杜贞娜, 程斐, 单之初, 郭怀宇, 孙剑秋, 臧威, 2021. 高通量测序技术及其在黄酒微生物多样性研究中的应用. *中国酿造*, 40(8): 14-19
- 关卫星, 杨勇, 董凯宁, 张思源, 罗黎鸣, 2019. 西藏高海拔地区积温与土壤养分对不同青稞新品种(系)产量影响研究初报. *西藏农业科技*, 41(4): 32-36
- 黄海蛟, 李杨, 高小丽, 田朋佳, 尼玛央宗, 拉巴扎西, 次珍, 魏新虹, 曲吉, 廖文华, 2020. 西藏地区青稞籽粒营养品质分析及评价. *麦类作物学报*, 40(12): 1479-1485
- 黎琪, 王晴, 檀馨悦, 李晓敏, 张晓琳, 2021. 利用扩增子测序技术分析不同红茶菌中微生物多样性. *食品与发酵工业*, 47(18): 267-274
- 刘畅, 2017. 基于白粉菌胁迫下的转录组鉴定小麦外源抗病相关基因及病原致病的效果子蛋白. 中国农业科学院硕士论文, 北京. 1-58
- 秦健, 刘杏连, 康德贤, 黎炎, 黄如葵, 吴永官, 2022. 广西苦瓜棒孢叶斑病的病原鉴定. *植物病理学报*, 1-7
- 苏宇乔, 张毅, 贾小容, 薛跃规, 2017. 几种多样性指标在森林群落分析中的应用比较. *生态科学*, 36(1): 132-138
- 孙善峰, 黄晓宁, 韩北忠, 陈晶瑜, 2019. 扩增子测序分析助力传统发酵食品微生物群落研究. *中国酿造*, 38(5): 1-5
- 孙婷婷, 赵明辉, 李淑敏, 胡宝忠, 孟令波, 2021. 茄子黄萎病研究进展. *中国瓜菜*, 34(4): 8-14
- 宋忠和, 王静, 杨涛, 侯大斌, 袁小红, 李国友, 2021. 变绿毛壳霉 CIB608 次级代谢产物及抗菌活性. *应用与环境生物学报*, 27(4): 1078-1084
- 王启, 刘广达, 2020. 一种基于扩增子测序检测丛枝菌根真菌的方法. *基因组学与应用生物学*, 39(12): 5617-5624
- 王巧慧, 谷建华, 郭欢, 吕士凯, 吉万全, 张宏, 2021. 白粉病菌侵染条件下小麦酵母双杂交文库的构建及可用性检测. *麦类作物学报*, 41(2): 127-133
- 魏玲玲, 旺姆, 曾兴权, 2020. 西藏青稞抗白粉病的广泛靶向代谢组研究. *高原农业*, 4(3): 239-243, 276
- 魏玲玲, 王玉林, 原红军, 旺姆, 曾兴权, 2021. 白粉病菌(*Blumeria graminis*)胁迫下西藏青稞 lncRNA 全谱解析. *分子植物育种*, 19(17): 5581-5590
- 吴悦妮, 冯凯, 厉舒祯, 王朱珺, 张照婧, 邓晔, 2020. 16S/18S/ITS 扩增子高通量测序引物的生物信息学评估和改进. *微生物学通报*, 47(9): 2897-2912
- 张翼翹, 2019. 内生微生物和其在作物管理中的潜在应用. *世界农药*, 41(4): 31-36
- 赵英杰, 2018. 弱毒黄萎病菌 Vn-1 诱导向日葵抗黄萎病的机制研究. 内蒙古农业大学硕士论文, 呼和浩特. 1-64