

引用格式:

雷霁卿, 石银娜, 巴良杰, 吉宁, 王瑞. 贵州紫皮百香果果腐病原菌的鉴定及其与各发育阶段真菌微生物群落的关系[J]. 湖南农业大学学报(自然科学版), 2024, 50(2): 57–64.

LEI J Q, SHI Y N, BA L J, JI N, WANG R. Identification of fungal pathogens causing rot disease of purple passion fruit (*Passiflora edulis*) in Guizhou and its correlation with fungal microbial community at various developmental stages of purple passion fruit[J]. Journal of Hunan Agricultural University(Natural Sciences), 2024, 50(2): 57–64.

投稿网址: <http://xb.hunau.edu.cn>



贵州紫皮百香果果腐病原菌的鉴定及其与各发育阶段真菌微生物群落的关系

雷霁卿, 石银娜, 巴良杰, 吉宁, 王瑞*

(贵阳学院食品科学与工程学院, 贵州 贵阳 550005)

摘要: 对分离自贵州紫皮百香果果腐病原菌进行形态学及分子鉴定, 确定致病菌 15 株, 分属可可毛色二孢菌(*Lasiodiplodia brasiliensis*), 层出镰孢菌(*Fusarium proliferatum*), 间作壳菌(*Diaporthe tectonendophytica*、*D. unshiuensis*、*D. tectonae*、*D. hubeiensis*); 致病性观察显示, 15 株致病菌中包括弱致病力菌株 1 株、中致病力菌株 4 株、较强致病力菌株 4 株、强致病力菌株 6 株, *L. brasiliensis* 菌株 BXG-Z-1 及 *D. hubeiensis* 菌株均为强致病力菌株。分析百香果不同发育阶段真菌微生物多样性, 结果表明, 百香果花、百香果幼果、百香果成熟果实真菌 OTU 数量分别为 26、23、20, Simpson 指数为 0.095~0.113, 真菌群落多样化程度低; Shannon 指数均低于 0.5, 真菌微生物类群分布均匀程度低, 与之相对应的, *Microdium* spp. 相对丰度在百香果不同发育阶段均超过 90%; 百香果花中 *Cladosporium* spp.、*Ruinenia* spp. 相对丰度最高, 幼果时降至最低, 至成熟果实期又再次上升; 百香果花中 *Trichoderma* spp.、*Bipolaris* spp.、*Amanita* spp.、*Monilinia* spp.、*Cercospora* spp. 相对丰度显著高于百香果幼果的, 并随着果实发育成熟降至最低。

关键词: 紫皮百香果; 病原菌; 微生物多样性; 贵州

中图分类号: Q949.759.5; S432.1

文献标志码: A

文章编号: 1007-1032(2024)02-0057-08

Identification of fungal pathogens causing rot disease of purple passion fruit (*Passiflora edulis*) in Guizhou and its correlation with fungal microbial community at various developmental stages of purple passion fruit

LEI Jiqing, SHI Yingna, BA Liangjie, JI Ning, WANG Rui*

(Food Science and Engineering College, Guiyang University, Guiyang, Guizhou 550005, China)

Abstract: Fungal pathogens causing rot disease of purple passion fruit in Guizhou were isolated, morphology and molecular identification showed 15 pathogen strains belonged to *Lasiodiplodia brasiliensis*, *Fusarium proliferatum*, *Diaporthe tectonendophytica*, *Diaporthe unshiuensis*, *D. tectonae* and *D. hubeiensis*. Pathogenicity study revealed that 1 strain showed weak virulence, 4 strains showed moderate virulence, 4 strains showed fairly strong virulence, and 6 strains showed strong virulence. *Lasiodiplodia brasiliensis* strain BXG-Z-1 and *D. hubeiensis* strains showed strong virulence. Diversity analysis of fungal communities at different periods of development of purple passion fruit showed that fungal community OTUs of purple passion fruit in fruit flowers, young fruits and mature fruits were 26, 23 and 20 respectively, while simpson index ranged from 0.095 to 0.113, which indicated low richness of fungal community. Shannon index of

收稿日期: 2023-11-28

修回日期: 2024-02-05

基金项目: 贵州省创新平台建设计划(黔科中引地[2020]4018号); 贵阳学院研究生科研基金项目(GYU-YJS[2021]-44)

作者简介: 雷霁卿(1985—), 女, 贵州贵阳人, 硕士, 副教授, 主要从事微生物与食品安全研究, jqinglei0120@163.com; *通信作者, 王瑞, 博士, 教授, 主要从事农产品贮运研究, wangrui060729@126.com

all samples was below 0.5, indicating low evenness of fungal community, and correspondingly, relative abundance of *Microdium* spp. exceeded 90% at different growth period of passion fruit. However fungi with low relatively abundance have significant changes during different growth periods of purple passion fruit: relative abundance of *Cladosporium* spp., and *Ruinenia* spp. in the flower stage of passion fruit were the highest, and decreased to the lowest in young fruit stage, and increased again in mature fruit stage, while relative abundance of *Trichoderma* spp., *Bipolaris* spp., *Amanita* spp., *Monilinia* spp. and *Cercospora* spp. in flower stage were significantly higher than that in young fruit stage, and further decreased to the lowest at maturity stage.

Keywords: purple passion fruit; pathogenic bacteria; microbial diversity; Guizhou

百香果(*Passiflora edulis*)原产于南美洲^[1], 现已在中国海南、福建、广西、四川及贵州等地大面积种植。近年来, 百香果果腐病害发生加剧, 严重影响了果实的贮藏期与货架期, 产业经济损失较大^[2]。百香果不同种植区果腐病原真菌种属有差异: 巴西学者于 2002 年研究多种水果炭疽病时指出 *Colletotrichum gloeosporioides* 可引起紫皮百香果果腐病^[3]; 2003 年报道 *Fusarium semitectum*^[4]可引起紫皮百香果果腐病; 2021 年鉴定广州湛江市售百香果果腐病原为 *Lasiodiplodia theobromae*^[5]; 2021 年鉴定海南黄皮百香果果腐病原菌为 *Colletotrichum brevisporum*^[6]; 2022 年报道广西种植百香果果腐病原菌为 *Phytophthora nicotianae*^[7]; 2021 年福建学者系统研究了其种植区内紫皮百香果及黄皮百香果病原菌, 鉴定 *Fusarium kyushuense*、*Fusarium concentricum*、*Colletotrichum truncatum* 和 *Alternaria alternata* 可引起 2 种百香果果腐病, 其中 *Fusarium kyushuense*、*Fusarium concentricum*、*Colletotrichum truncatum* 和 *Alternaria alternata* 是侵染力最强的菌种^[8]。

通过组学技术研究微生物群落与植物病原体之间的关系发现, 微生物群落结构及多样性水平与对病原体的抵抗力有关^[9]。笔者对贵州紫皮百香果果腐病原菌进行分离鉴定和致病性测定, 分析百香果不同发育阶段的真菌群落结构及多样性与紫皮百香果果腐病原的关系, 以期对贵州地区紫皮百香果采后病害的防控提供依据。

1 材料与方法

1.1 材料

2021—2022 年, 从贵州省罗甸县、从江县、安龙县、晴隆县多个紫皮百香果种植基地采集成熟度一致、大小均一的健康百香果的花、幼果(坐果后 20 d 青色果实)及成熟果实(坐果后 65 d 紫色果实)。

1.2 方法

1.2.1 百香果果腐病原菌的鉴定

健康成熟果实置于室温(20~25 °C)下至发病, 果实表面用 75%乙醇消毒 5 min, 挑取少量病健交界组织放入 PDA 平板中, 25 °C 电热恒温培养箱培养, 挑取单菌菌落连续传代培养 2~3 代后进行单孢或单菌丝纯化。将分离纯化得到的病原菌按照柯赫氏法则进行有伤和无伤反接试验^[10], 接种果实置于 28 °C 恒温恒湿培养箱避光培养 7 d, 记录发病情况; 重复 3 次^[10]。

纯化后病原菌株接种于 PDA 平板, 28 °C 培养 3~15 d, 观察并记录菌落生长情况, 于光学显微镜下观察其菌丝和分生孢子形态, 根据病原菌形态学特征鉴定病原菌种属^[10]。

采用高效植物基因组 DNA 提取试剂盒 DP350(天根生化科技(北京)有限公司)提取病原菌 DNA, 以病原菌基因组 DNA 为模板, 使用 ITS1 上游引物 5'-TCCGTAGGTGAACCTGCGG-3' 和 ITS4 下游引物 5'-TCCTCCGCTTATTGATATGC-3'、EF1-728 上游引物(5'-CATCGAGAAGTTCGA GAAGG-3' 和 EF1-986 下游引物 5'-TACTTGAAG GAACCCTTACC-3' (生工生物工程(上海)股份有限公司合成)进行 PCR 扩增, 扩增产物交由生工生物工程(上海)股份有限公司测序, 得到目标基因片段。运用 NCBI/BLAST 进行同源性差异分析, 下载模式菌株及相关菌株序列, 利用 phylosuite 建立多基因联合系统发育树^[11]。

1.2.2 百香果病原菌致病性的测定

将鉴定的病原菌传代培养 3 d, 用于致病性测定。选取健康百香果果实, 75%乙醇浸泡 5 min, 灭菌水洗净, 置于通风橱吹干, 5 mm 打孔器打孔果皮, 取病原菌饼置于果皮孔中, 接种果实置于灭菌塑料盒中, 28 °C 恒温、相对湿度 70% 培养 7 d,

十字交叉法测量病斑直径, 重复 3 次。

1.2.3 百香果不同发育阶段真菌微生物多样性分析

以百香果花全花、果实果皮作为基因组材料, 选用 ITS1 区域进行扩增, 扩增产物基于 Illumina HiSeq 4000 平台进行高通量测序^[12], 测序后使用 QIIME 进行生物信息学分析, 按照 97% 的阈值划分分类操作单元(OTU)^[13], 随后使用 RDP 分类器进行物种注释^[14]。采用 QIIME 自带脚本计算样品的 α 多样性指数; 运用 vegan 分析 β 多样性^[15]; 使用 funguild 进行真菌基因功能预测^[16]。

1.3 数据分析

试验数据使用 IBM SPSS statistics 23 软件进行

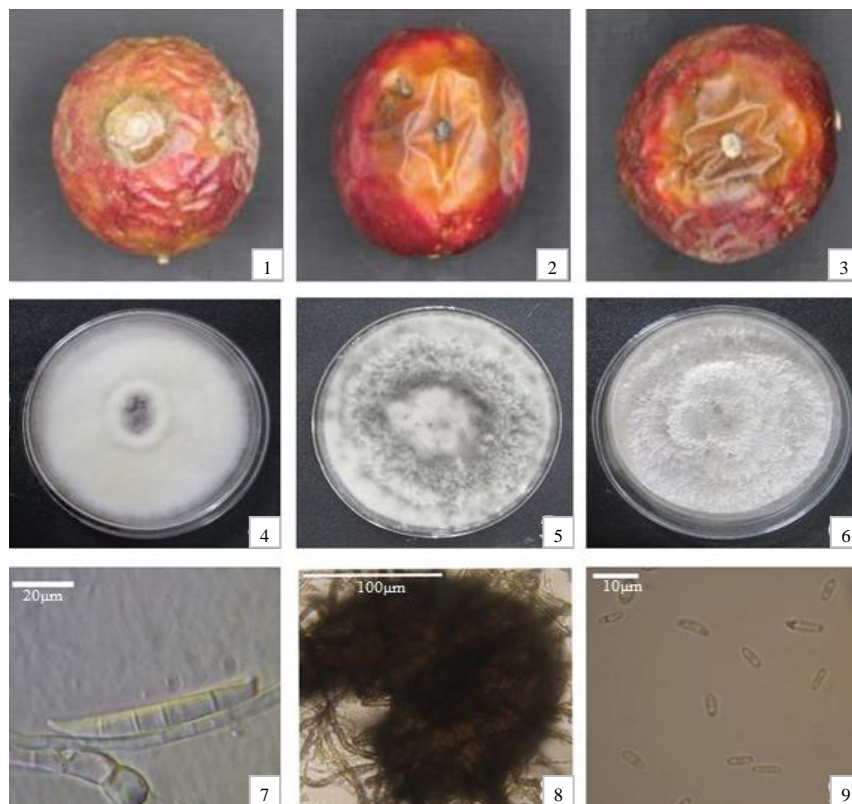
统计学分析, 选用新复极差法进行多重比较; 采用组间连接进行聚类分析。

2 结果与分析

2.1 贵州紫皮百香果果腐病原菌的鉴定结果

2.1.1 病原菌的形态学

健康百香果果实贮藏至发病后进行病原菌分离纯化, 根据柯赫氏法则进行反接试验, 确定病原菌 15 株, 均为有伤接种后发病(图 1-1、图 1-2、图 1-3)。发病果实呈果腐病典型特征: 接种处果实凹陷, 不规则褐色病斑随接种时间延长不断扩大, 病斑处果皮变软, 切开果实可见果皮内部腐烂变黑。



1~3 反接果实; 4~6 菌落; 7~9 孢子囊/孢子。

图 1 紫皮百香果果腐病症状及病原菌的分离鉴定

Fig.1 Symptoms of rot disease in passion fruit and isolation and identification of the pathogens

根据果腐病形态学特征可将 15 株病原菌分为 3 类: 菌株 BXG-12 的菌落呈白色绒毛状, 致密, 基底为淡黄色(图 1-4), 分生孢子镰刀型、多隔(图 1-7), 初步鉴定为镰刀菌属(*Fusarium*); 菌株 BXG-Z-1 的菌落初为灰白色, 后变为灰褐至褐灰色(图 1-5), 基底为黑色, 培养后期可产生子座, 子座内可见球状黑褐色分生孢子器(图 1-8), 初步

鉴定为二孢菌属(*Lasioidiplodia*); 菌株 BXG-W-2、BXG-Z-2、BXG-2、BXG-8、BXG-W-3、BXG-clo2-7、BXG-clo2-10、BXG-W-3、BXG-W-13、BXG-clo2-9、BXG-9、BXG-clo2-8 和 BXG-14 的菌落为白色, 致密轮盘状或白色絮状, 基底为灰褐色(图 1-6), 纺锤形分生孢子(图 1-9), 初步鉴定为间座壳属(*Diaporthe*)。

2.1.2 病原菌分子生物学鉴定

提取病原菌基因组 DNA，扩增 rDNA-ITS(GeneBank 序列号 OP209960-OP209972)及 *EF-1α* 序列，基于 rDNA-ITS、*EF-1α* 基因序列构建多基因联合系统发育树，对病原菌进行分子生物学鉴定。多基因联合分析将菌株鉴定至种(图 2)：菌株 BXG-Z-1 被鉴定为 *Lasiodiplodia brasiliensis*；菌株 BXG-12 被鉴定为 *Fusarium proliferatum*；菌

株 BXG-W-2、BXG-Z-2 被鉴定为 *Diaporthe tectonendophytica*；BXG-2 被鉴定为 *D. unshiuensis*；BXG-clo2-10、BXG-W-6、BXG-clo2-7 被鉴定为 *D. tectonae*；BXG-8、BXG-W-3、BXG-W-13、BXG-clo2-9、BXG-9、BXG-clo2-8、BXG-14 被鉴定为 *D. hubeiensis*。分子生物学鉴定结果与形态学鉴定结果一致。

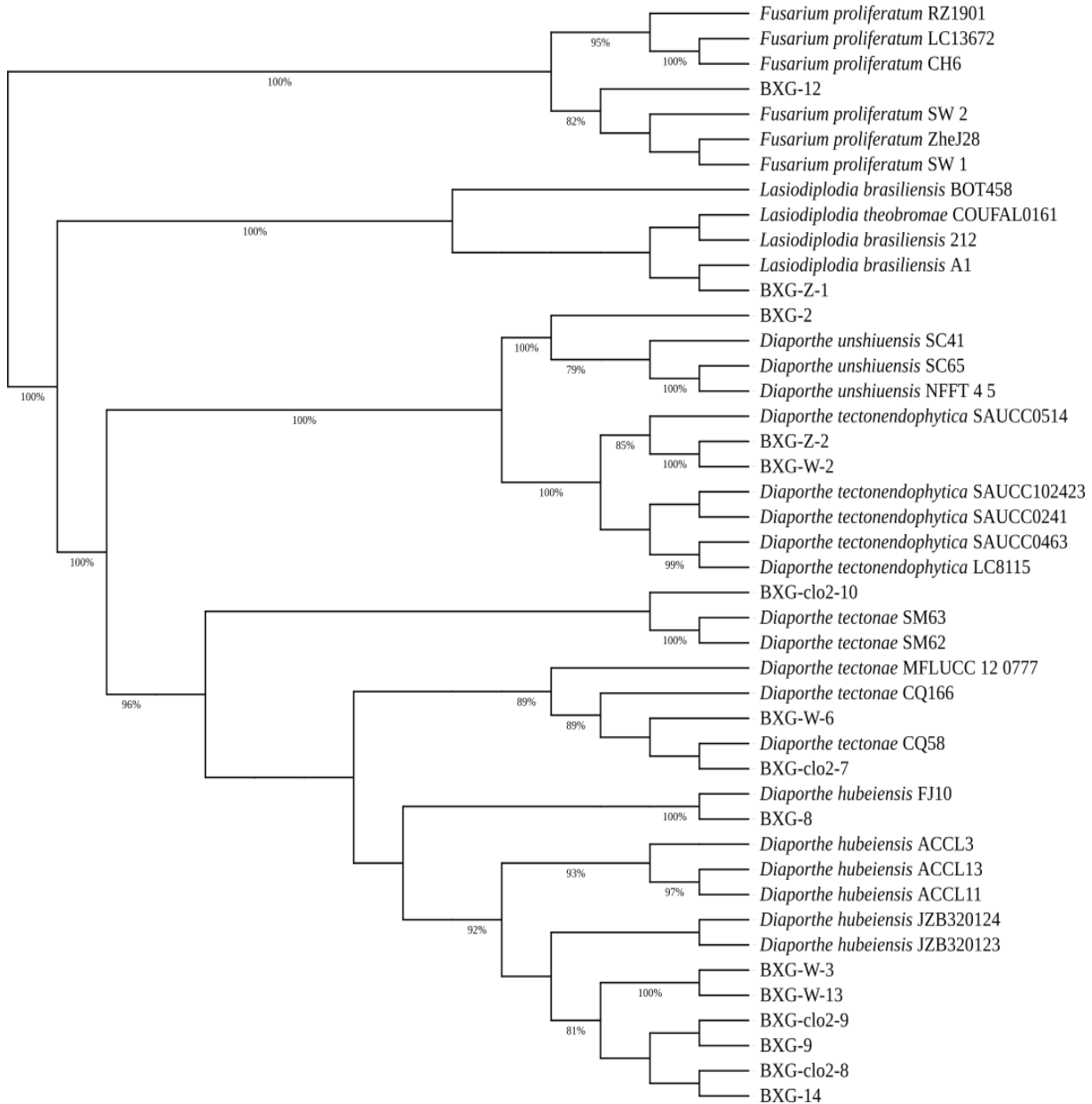


图 2 基于 ITS、*EF-1α* 基因的贵州紫皮百香果果腐病病原菌联合系统发育树
 Fig.2 Phylogeny analysis of pathogens causing rot disease of passion fruit based on ITS and *EF-1α* genes

2.2 百香果果腐病病原菌致病性的差异

测量得到果实病斑直径(表 1)，分析病原菌致病性差异，接种 *Lasiodiplodia brasiliensis* 菌株发病

果实病斑直径为(44.37±4.33) mm，接种 *Fusarium proliferatum* 菌株发病果实病斑直径为(19.46±3.58) mm，接种 *Diaporthe* sp.菌株发病果实的病斑直径为 36.31~53.71 mm，不同菌属致病性存在差异。

表 1 紫皮百香果果腐病原菌菌株的病斑直径

Table 1 Pathogenicity identification for the pathogens causing rot disease of passion fruit based on diameter of spot lesion

病原菌	菌株	来源	病斑直径/mm
<i>Fusarium proliferatum</i>	BXG-12	罗甸	(19.46±3.58)a
<i>Lasiodiplodia brasiliensis</i>	BXG-Z-1	罗甸	(44.37±4.33)c
<i>Diaporthe unshiuensis</i>	BXG-2	罗甸	(42.21±6.77)c
<i>Diaporthe tectonendophytica</i>	BXG-Z-2	罗甸	(36.31±10.98)b
	BXG-W-2	安龙	(39.66±3.98)b
<i>Diaporthe tectonae</i>	BXG-clo2-7	罗甸	(39.13±6.60)b
	BXG-clo2-10	罗甸	(53.71±4.78)d
<i>Diaporthe hubeiensis</i>	BXG-W-6	从江	(38.34±4.34)b
	BXG-clo2-8	罗甸	(45.94±0.93)c
	BXG-clo2-9	罗甸	(51.03±0.98)d
	BXG-8	安龙	(46.24±1.45)c
	BXG-9	罗甸	(47.43±1.52)c
	BXG-14	从江	(53.06±1.95)d
	BXG-W-3	晴隆	(46.04±3.57)c
	BXG-W-13	罗甸	(47.07±7.37)d

同列数据不同字母表示菌株间差异有统计学意义(P<0.05)。

为了解致病性差异是否存在菌属特异性，采用聚类分析对病斑直径作系统聚类，根据聚类分析结果(图 3)，将致病菌株致病力分为弱致病力菌株 1 株(BXG-12)、中致病力菌株 4 株(XG-W-2、BXG-clo2-7、BXG-Z-2、BXG-W-6)、较强致病力菌株 4 株(BXG-clo2-10、BXG-clo2-9、BXG-W-13、BXG14)、强致病力菌株 6 株(BXG-9、BXG-8、BXG-W-3、BXG-clo2-8、BXG-2、BXG-Z-1)。菌株致病力强弱与菌属没有相关性。

表 2 紫皮百香果不同发育时期的真菌群落 α 多样性指数

Table 2 Alpha diversity of fungal communities at different developmental stages of purple passion fruit

样品	物种数量	香农指数	辛普森指数	Chao1	ACE	检测类群数	PD whole tree
花	26	0.401	0.113	26	26	1	2.066
幼果	23	0.338	0.095	23	23	1	1.769
成熟果实	20	0.351	0.100	20	20	1	1.466

2.3.2 紫皮百香果不同发育阶段的真菌微生物群落结构

通过对基因组 ITS1 序列进行注释，发现开花期、幼果期、成熟果实真菌菌属数量分别为 26、23、20；相对丰度排名前 10 的真菌分别为 *Microidium phyllanthi*、*Trichoderma harzianum*、*Bipolaris* sp.、*Cladosporium* sp.、*Blumeria* sp.、*Cladosporium sphaerospermum*、*Amanita oberwinkl-*

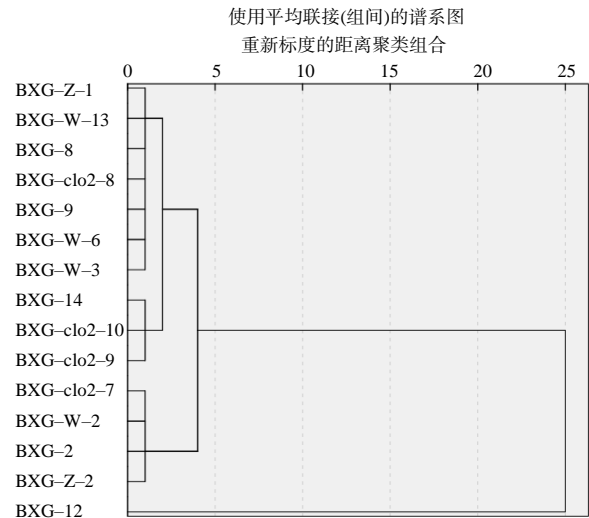


图 3 菌株致病性差异系统聚类

Fig.3 Clustering analysis of differences in pathogenicity among pathogen strains

2.3 紫皮百香果不同发育阶段真菌微生物群落特征

2.3.1 紫皮百香果不同发育阶段的真菌微生物群落多样性

采集不同发育阶段贵州健康紫皮百香果，扩增基因组 ITS1 序列，对不同发育阶段百香果真菌微生物群落进行 α 多样性分析，结果(表 2)表明，预估类群数(ACE、Chao1 值)与注释物种数量一致，样本可信度高；各发育阶段真菌群落辛普森指数为 0.095~0.113，说明贵州地区百香果真菌微生物类群多样化程度低；真菌微生物群落香农指数均低于 0.500，说明不同发育阶段百香果微生物类群分布均匀程度低。

erana、*Monilinia linhartiana*、*Ruinenia* sp.、*Cercospora* sp.及 *Microidium* sp.(表 3)，其中 *Microidium phyllanthi* 相对丰度在 3 个发育阶段均超过 90%，健康百香果真菌群落均未观察到百香果果腐病原真菌，病原真菌不是健康百香果花、幼果、成熟果实的优势菌属。

为了解不同生育阶段百香果微生物群落结构的差异，绘制 OUT 相对丰度聚类热图，结果表明，

表3 紫皮百香果不同发育时期真菌微生物群落的相对丰度

物种	相对丰度		
	花	幼果	成熟果实
<i>Microidium phyllanthi</i>	9.93E-01	9.95E-01	9.95E-01
<i>Trichoderma harzianum</i>	3.88E-03	2.96E-03	2.46E-03
<i>Bipolaris</i> sp.	5.99E-04	4.28E-04	3.42E-04
<i>Cladosporium</i> sp.	4.96E-04	3.25E-04	3.42E-04
<i>Blumeria</i> sp.	3.08E-04	3.25E-04	3.42E-04
<i>Cladosporium sphaerospermum</i>	3.42E-04	1.54E-04	3.25E-04
<i>Amanita oberwinklerana</i>	3.08E-04	1.54E-04	1.37E-04
<i>Monilinia linhartiana</i>	3.08E-04	0.00E+00	0.00E+00
<i>Ruinenia</i> sp.	2.05E-04	1.03E-04	2.22E-04
<i>Cercospora</i> sp.	2.22E-04	0.00E+00	0.00E+00
其他	3.77E-04	2.57E-04	3.59E-04

随着百香果的日益成熟, *Microidium* sp.、*Blumeria* sp.的相对丰度增加, 百香果花中 *Trichoderma* sp.、*Bipolaris* sp.、*Amanita* sp.、*Monilinia* sp.、*Cercospora* sp.相对丰度高于幼果和成熟果实的。聚类分析显示, 幼果与成熟果实微生物群落结构较接近, 百香果花的微生物群落结构与幼果、成熟果实的差异较大(图 4-A)。为了解百香果花、幼果、成熟果实微生物群落结构差异, 绘制矩阵热图(图 4-B): 图中方格中数字表示样本两两之间的相异系数, 相异系数越小的 2 个样本, 物种多样性的差异越小; 同一方格中, 上下 2 个值分别代

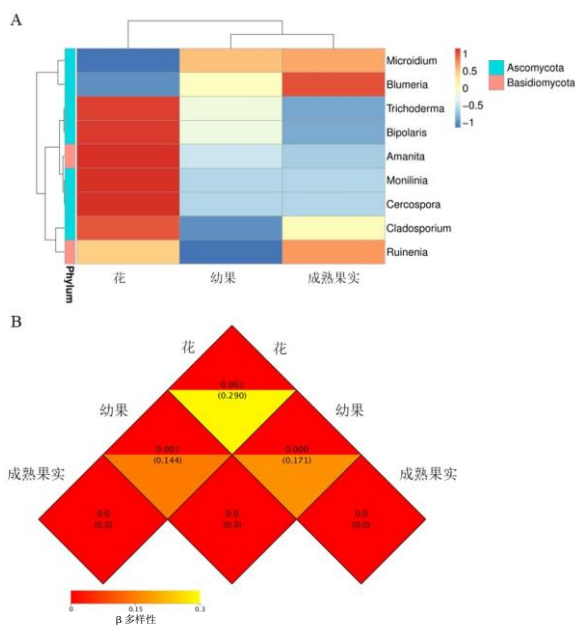


图4 紫皮百香果不同生育期的真菌微生物群落

Fig.4 Microbial communities at different developmental stages of purple passion fruit

表 Weighted Unifrac 和 Unweighted Unifrac 距离; 花与成熟果实、幼果的 Weighted Unifrac 距离均为 0.001, 成熟果实与幼果的 Weighted Unifrac 距离为 0.000; 花与成熟果实的 Unweighted Unifrac 距离为 0.290, 与幼果的 Unweighted Unifrac 距离为 0.144, 成熟果实与幼果的 Unweighted Unifrac 距离为 0.171; 表明当考虑微生物群落中物种绝对丰度时, 百香果不同发育阶段的真菌微生物群落结构存在统计学差异。

2.3.3 紫皮百香果不同发育阶段真菌群落功能预测

通过 FunGuild 进行真菌群落功能预测, 植物病原真菌相对丰度在不同发育阶段百香果真菌群落中超过 90%(图 5-A); 进一步绘制热图进行功能相对丰度聚类分析, 发现植物病原真菌相对丰度随着百香果成熟显著增加, 与 *Microidium* sp.、*Blumeria* sp.变化趋势一致, 然而, *Blumeria* sp.、*Microidium* sp.均为白粉病病原菌, 未见引起百香果采后果腐烂的报道, 研究也未分离到 *Microidium* sp.、*Blumeria* sp.; 内生-病原共生真菌随着百香果成熟丰度与 *Cladosporium* sp.变化趋势一致(图 5-B)。

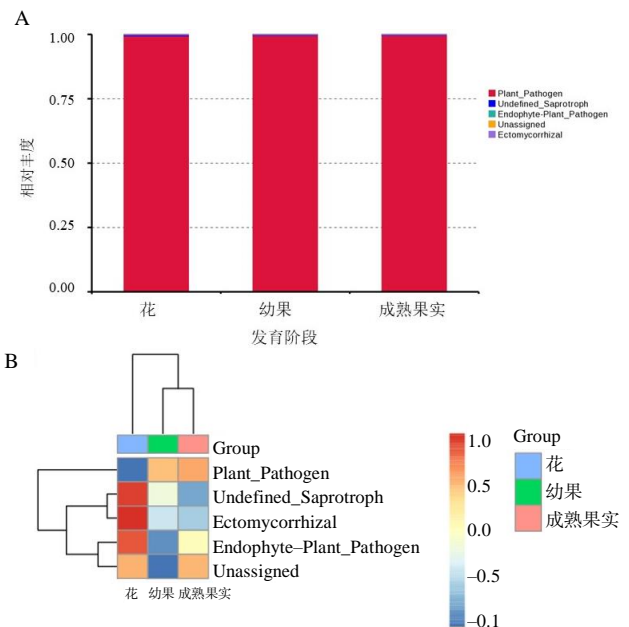


图5 紫皮百香果不同生育期的真菌群落功能的预测

Fig.5 Function prediction for microbial communities at different developmental stages of purple passion fruit

3 结论与讨论

分离鉴定出贵州紫皮百香果采后腐烂病致病菌为巴西可可毛色二孢菌(*Lasiodiplodia brasiliensis*)、

层出镰孢菌(*Fusarium proliferatum*)、间作壳菌(*Diaporthe tectonendophytica*、*D. unshiuensis*、*D. tectonae* 及 *D. hubeiensis*)。不同菌株致病力存在差异, *D. hubeiensis* 各菌株均为强致病力菌株; 百香果花、幼果、成熟果实菌属数量分别为 26、23、20, 辛普森指数为 0.095~0.113, 真菌群落多样化程度低; 香农指数均低于 0.500, 真菌微生物类群分布均匀程度低; 相对丰度低的真菌菌属在百香果生长不同发育阶段变化显著。

致病菌致病性研究表明, *Lasiodiplodia brasiliensis*、*Fusarium proliferatum*、*Diaporthe tectonendophytica*、*D. unshiuensis*、*D. tectonae* 及 *D. hubeiensis* 具有致病性; 致病真菌在受伤的紫皮百香果上引起显著的腐烂症状, 但未在无伤紫皮百香果上引起腐烂。15 株致病菌菌株的致病力存在差异: 弱致病力菌株 1 株, 中致病力菌株 4 株, 强致病力菌株 6 株, 较强致病力菌株 4 株。广西黄金百香果致病菌为可可毛色二孢菌 *Lasiodiplodia* spp.^[10]; 福建紫皮和黄金百香果采后腐烂病致病菌为镰刀菌(*Fusarium* sp.)、链格孢菌(*Alternaria* sp.)、枝孢菌(*Cladosporium* sp.), 其中, 优势致病菌为镰刀菌^[8]。本研究结果表明, 贵州紫皮百香果采后腐烂病致病菌为巴西可可毛色二孢菌、层出镰孢菌、间作壳菌, 优势致病菌为间作壳属。这说明贵州、福建、广西百香果采后腐烂病致病菌种类及致病优势菌群存在差异。

生物及其相关的微生物形成一个全息体, 生物是由细菌、古细菌和多种真核生物组成的共同进化的物种组合^[18]。植物对病原体入侵的抵抗力与其微生物群落结构及多样性水平有关, 拥有较高本土微生物多样性的品种对病原微生物的定殖具有更好的抗性^[19-20]。贵州百香果不同发育阶段真菌群落多样化程度低, 类群分布均匀度低, 或是导致贵州地区百香果果腐病害发病率逐年升高的生态因素。

病原体入侵伴随着微生物群落结构的改变^[21]。KIM 等^[22]研究采前健康花椰菜与采后病害花椰菜的微生物群落, 结果显示采收后病害样品真菌群落结构显著改变, 病原微生物的种类增多、相对丰度增加, 提示采后贮藏环境的改变及植株生理代谢导致的微生物群落真菌结构改变或是采后病

原菌富集的原因。本研究结果显示, 百香果不同发育阶段 *Microdium* sp. 相对丰度均超过 90%, 不同时期健康百香果真菌群落均未观察到百香果果腐病原真菌, 提示病原真菌在健康百香果中的相对丰度低, 健康百香果在贮藏过程中生理状态的改变导致病原真菌富集而出现果腐病症状。

运用 FunGuild 进行真菌群落功能预测, 植物病原真菌相对丰度在不同发育阶段百香果真菌群落中超过 90%, 而 *Microdium* sp. 相对丰度在百香果不同发育阶段均超过 90%; 绘制热图显示, 植物病原真菌相对丰度随着百香果成熟显著增加, 与 *Microdium* sp.、*Blumeria* sp. 变化趋势一致。*Blumeria* sp.、*Microdium* sp. 引起多种植物发生白粉病害^[23-26], 但尚未有 *Microdium* sp.、*Blumeria* sp. 引起百香果采后果实腐烂的报道。本研究结果显示, *Microdium* sp. 和 *Blumeria* sp. 为健康百香果花、幼果及成熟果实的核心菌群。LIU 等^[27]通过热处理和微生物群自/交叉再接种, 比较不同土壤特性与百合健康状况之间的因果关系, 认为健康百合植株土壤中核心真菌的相对丰度与疾病发病率和病原体相对丰度呈显著负相关, 可能是潜在的危害抑制剂。健康百香果核心真菌 *Microdium* sp. 和 *Blumeria* sp. 或许是潜在的百香果果腐病原菌拮抗菌, 它们是否对病原真菌具有抑制作用, 有待进一步研究。

参考文献:

- [1] SILVA G S, SOUZA M M. Origin of the cultivated passion fruit *Passiflora edulis* f. *flavicarpa* and genomic relationships among species of the subgenera *Decaloba* and *Passiflora*[J]. *Plant Biology*, 2020, 22(3): 533-540.
- [2] MANICOM B, RUGGIERO C, PLOETZ R C, et al. Diseases of passion fruit[J]. *Diseases of Tropical Fruit Crops*, 2003, 11: 413-441.
- [3] PERES N A R, KURAMAE E E, DIAS M S C, et al. Identification and characterization of *Colletotrichum* spp. affecting fruit after harvest in Brazil[J]. *Journal of Phytopathology*, 2002, 150(3): 128-134.
- [4] MUNIZ M, ROCHA D F, SILVEIRA N S S, et al. Identification of fungi causal agents of postharvest diseases on commercialized fruits in Alagoas, Brazil[J]. *Summa Phytopathologica*, 2003, 29(1): 38-42.
- [5] ZHANG W, NIU X L, YANG J Y. First report of postharvest fruit rot on passion fruit(*Passiflora edulis*)

- caused by *Lasiodiplodia theobromae* in Mainland China[J]. *Plant Disease*, 2021, 105(4): 1198.
- [6] QIU F, LI X, XIE C P, et al. Identification of *Colletotrichum brevisporum* causing fruit rot in yellow passion fruit(*Passiflora edulis* f. *flavicarpa*) in China[J]. *Australasian Plant Pathology*, 2021, 50(2): 229–232.
- [7] LIU Z L, ZHOU S Y, HUANG Y C, et al. First report of fruit rot caused by *Phytophthora nicotianae* on passion fruit in Guangxi Province, China[J]. *Plant Disease*, 2021, 106(1): 336.
- [8] RIZWAN H M, LIN Z M, HARSONOWATI W, et al. Identification of fungal pathogens to control postharvest passion fruit(*Passiflora edulis*) decays and multi-omics comparative pathway analysis reveals purple is more resistant to pathogens than a yellow cultivar[J]. *Journal of Fungi*, 2021, 7(10): 879.
- [9] SI H Y, CUI B, LIU F, et al. Microbial community and chemical composition of cigar tobacco(*Nicotiana tabacum* L.) leaves altered by tobacco wildfire disease[J]. *Plant Direct*, 2023, 7(12): e551.
- [10] 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.
- [11] 杜婵娟, 杨迪, 叶云峰, 等. 广西百香果采后果腐病病原的鉴定[J]. *植物病理学报*, 2022, 52(1): 109–113.
- [12] XIANG C Y, GAO F, JAKOVLCI I, et al. Using PhyloSuite for molecular phylogeny and tree-based analyses[J]. *iMeta*, 2023, 2(1): e87.
- [13] EDGAR R C. Search and clustering orders of magnitude faster than BLAST[J]. *Bioinformatics*, 2010, 26(19): 2460–2461.
- [14] MAIDAK B L, LARSEN N, MCCAUGHEY M J, et al. The ribosomal database project[J]. *Nucleic Acids Research*, 1994, 22(17): 3485–3487.
- [15] 张振东, 李学富, 肖秋杨, 等. 基于高通量测序与分离鉴定方法解析奉节和巫山鲈广椒微生物多样性[J]. *食品与发酵工业*, 2023, 49(24): 178–185.
- [16] NGUYEN H N, SONG Z W, BATES S T, et al. FUNGuild: an open annotation tool for parsing fungal community datasets by ecological guild[J]. *Fungal Ecology*, 2016, 20(1): 241–248.
- [17] DALMAIJER E S, NORD C L, ASTLE D E. Statistical power for cluster analysis[J]. *BMC Bioinformatics*, 2022, 23(1): 205.
- [18] BERG G, KÖBERL M, RYBAKOVA D, et al. Plant microbial diversity is suggested as the key to future biocontrol and health trends[J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2017, 93(5): fix050.
- [19] RYBAKOVA D, MANCINELLI R, WIKSTRÖM M, et al. The structure of the *Brassica napus* seed microbiome is cultivar-dependent and affects the interactions of symbionts and pathogens[J]. *Microbiome*, 2017, 5: 104.
- [20] LIBER S, WIBBER G D, WINKLER A, et al. Taxonomic analysis of the microbial community in stored sugar beets using high-throughput sequencing of different marker genes[J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2016, 92(2): fiw004.
- [21] MALLON C A, VAN ELSAS J D, SALLES J F. Microbial invasions: the process, patterns, and mechanisms[J]. *Trends in Microbiology*, 2015, 23(11): 719–729.
- [22] KIM M S, PARK E J. Postharvest-induced microbiota remodeling increases fungal diversity in the phyllosphere mycobiota of broccoli florets[J]. *Postharvest Biology and Technology*, 2021, 181: 111693.
- [23] SAVARY S, WILLOCQUET L, PETHYBRIDGE S J, et al. The global burden of pathogens and pests on major food crops[J]. *Nature Ecology & Evolution*, 2019, 3(3): 430–439.
- [24] DEAN R, KAN J A L, PRETORIUS Z A, et al. The Top 10 fungal pathogens in molecular plant pathology[J]. *Molecular Plant Pathology*, 2012, 13(4): 414–430.
- [25] MEEBOON J, TAKAMATSU S. *Microidium phyllanthi-reticulati* sp. nov. on *Phyllanthus reticulatus*[J]. *Mycotaxon*, 2017, 132(2): 289–297.
- [26] PAN Y W, WU H, DI R. First report of powdery mildew caused by *Microidium phyllanthi* on chamber bitter(*Phyllanthus urinaria*) in China[J]. *Plant Disease*, 2020, 104(8): 2288.
- [27] LIU L L, YAN Y Y, DING H X, et al. The fungal community outperforms the bacterial community in predicting plant health status[J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2021, 105(16/17): 6499–6513.

责任编辑: 罗慧敏

英文编辑: 罗维