

DOI: 10.11931/guihaia.gxzw202206031

张丽芳, 胡海林, 桂腾茸, 等, 2023. 火棘不同组织内生细菌群落多样性 [J]. 广西植物, 43(7): 1193–1200.

ZHANG LF, HU HL, GUI TR, et al., 2023. Diversity of endophytic bacterial community in different tissues of *Pyracantha fortuneana* [J]. *Guihaia*, 43(7): 1193–1200.



火棘不同组织内生细菌群落多样性

张丽芳¹, 胡海林², 桂腾茸³, 高 秀¹, 徐晴芳¹, 朱 铃¹, 徐启贺¹, 蔡 建^{1*}

(1. 曲靖师范学院云南省高校特色果酒技术创新与应用工程研究中心, 云南 曲靖 655011; 2. 曲靖师范学院数学与统计学院, 云南 曲靖 655011; 3. 曲靖师范学院 经济与管理学院, 云南 曲靖 655011)

摘 要: 为了解火棘不同组织内生细菌群落多样性, 该研究采用高通量测序技术对火棘内生细菌 16S rRNA V5~V7 可变区进行测序, 分析火棘不同组织部位内生细菌群落多样性。结果表明: (1) 从火棘根、茎、叶组织中共获得内生细菌 OTU 1 818 个, 其中根部 754 个, 茎部 308 个, 叶部 756 个, 三者共有 OTU 152 个。(2) 物种分类显示, 不同火棘组织内生细菌具有丰富的群落多样性, 火棘根部内生细菌种类隶属于 23 门 53 纲 137 目 216 科 373 属 557 种, 其中异样根瘤菌属 (*Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium*) 和链霉菌属 (*Streptomyces*) 为优势属, 其相对丰度分别为 10.57% 和 8.00%; 茎部内生细菌种类隶属于 21 门 32 纲 76 目 126 科 204 属 270 种, 其中马赛菌属 (*Massilia*) 和未知分类的丛毛单胞菌科属 (*unclassified_f_Comamonadaceae*) 为优势属, 其相对丰度分别为 31.10% 和 12.82%; 叶部内生细菌种类隶属于 21 门 52 纲 130 目 210 科 380 属 581 种, 其中土芽孢杆菌属 (*Geobacillus*) 和假单胞菌属 (*Pseudomonas*) 为优势属, 其相对丰度分别为 12.31% 和 9.84%。(3) PICRUSt 功能预测表明, 根部内生细菌物种最丰富, 参与各种代谢调控的细菌丰度最高。该研究结果为进一步探讨植物内生细菌功能, 挖掘新的有益微生物资源提供了参考。

关键词: 火棘, 不同组织, 内生细菌群落多样性, 高通量测序技术, 功能预测

中图分类号: Q939 文献标识码: A 文章编号: 1000-3142(2023)07-1193-08

Diversity of endophytic bacterial community in different tissues of *Pyracantha fortuneana*

ZHANG Lifang¹, HU Hailin², GUI Tengrong³, GAO Xiu¹, XU Qingfang¹, ZHU Ling¹, XU Qihe¹, CAI Jian^{1*}

(1. Yunnan Engineering Research Center of Fruit Wine, Qujing Normal University, Qujing 655011, Yunnan, China; 2. College of Mathematics and Statistics, Qujing Normal University, Qujing 655011, Yunnan, China; 3. College of Economics and Management, Qujing Normal University, Qujing 655011, Yunnan, China)

Abstract: In order to understand the diversity of endophytic bacteria community in different tissues of *Pyracantha fortuneana*, the 16S rRNA V5-V7 variable region of endophytic bacteria in *P. fortuneana* was sequenced by high-

收稿日期: 2022-11-10

基金项目: 云南省教育厅科学研究基金(2022J0808)。

第一作者: 张丽芳(1987-), 博士, 讲师, 研究方向为分子生物学和植物病理学, (E-mail)752859175@qq.com。

*通信作者: 蔡建, 博士, 副教授, 研究方向为食品工程, (E-mail)272101475@qq.com。

throughput sequencing technology, and the diversity of endophytic bacteria community in different tissue parts of *P. fortuneana* was analyzed. The results were as follows: (1) A total of 1 818 endophytic bacteria OTU were obtained, in which 754 endophytic bacteria were from root, 308 from stem and 756 from leaf, and with a total of 152 OTU. (2) Species classification showed that endophytic bacteria in different *P. fortuneana* tissues had abundant community diversities, and the endophytic bacteria in root belonged to 557 species, 373 genera, 216 families, 137 orders, 53 classes, 23 phyla, *Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium* and *Streptomyces* were the dominant genera, and their relative abundance was 10.57% and 8.00%, respectively. The endophytic bacteria in stem belonged to 270 species, 204 genera, 126 families, 76 orders, 32 classes, 21 phyla, *Massilia* and *unclassified_f_Comamonadaceae* were the dominant genera, and their relative abundance was 31.10% and 12.82%, respectively. The endophytic bacteria in leaf belonged to 581 species, 380 genera, 210 families, 130 orders, 52 classes, 21 phyla, *Geobacillus* and *Pseudomonas* were the dominant genera, and their relative abundance was 12.31% and 9.84%, respectively. (3) PICRUSt function prediction analysis showed that the species richness of root endophytic bacteria involved in the regulation of various metabolic pathways was the highest. These results provide a reference for endophytic bacteria functions and exploiting new beneficial microbial resources.

Key words: *Pyracantha fortuneana*, different tissues, diversity of endophytic bacterial community, high-throughput sequencing technology, function prediction

火棘 (*Pyracantha fortuneana*) 为蔷薇科 (Rosaceae) 常绿灌木野生果树植物, 在云南地区分布广泛, 具有适应性广、防风固沙能力强等生态价值, 还是一种天然药食同源的水果资源 (俞德浚和江万福, 1974; 李加兴等, 2012; 张俊辉, 2014)。研究表明, 在不同或相同植物的不同根、茎、叶、花、种子和根瘤等不同组织中均有内生细菌的存在, 内生细菌与寄主植物之间在长期协同进化过程中建立一种和谐共处的平衡关系, 不会导致植物侵染性病害发生, 在植物体内形成微生态群落, 对植物本身具有促生、抗病、抗虫、抗逆、内生固氮以及促进生防种质资源的研制与利用等多种生物学作用 (樊剑波等, 2008; Ownley et al., 2010; 李亮亮等, 2017; Pham et al., 2017; Defez et al., 2017; Xu et al., 2017; 杨鑫等, 2018), 由此推测, 内生菌常与火棘重要价值有关 (Beckers et al., 2017; Suryanarayanan et al., 2017; 张爱梅等, 2019)。目前, 关于火棘内生菌的研究主要为火棘内生真菌的分离及抑菌活性测定, 在火棘不同组织中共分离出 15 株 (陈志敏等, 2010), 而关于火棘内生细菌研究目前尚未见报道。近年来, Illumina 高通量测序技术的快速发展, 对植物内生细菌多样性研究迅速崛起, 该技术可直接从基因组 DNA 层面快速分析植物内生菌群落组成及多样性 (Livak & Schmittgen, 2001)。本研究以火棘根、茎和叶不同组织为研究对象, 采用高通量测序技术探讨以下

问题: (1) 火棘内生细菌结构及多样性分析; (2) 火棘内生细菌群落组成及差异分析; (3) 火棘不同组织内生细菌功能预测。旨在为获得有益生防细菌信息资源奠定理论基础。

1 材料与方 法

1.1 采集地概况

火棘样品于 2021 年 10 月采自云南省曲靖市曲靖师范学院火棘试验田, 地理位置坐标为 103°72' E、25°72' N, 海拔约为 1 876 m。该地区位于云南省滇东北地区, 属亚热带季风气候, 气温为 12~22 °C, 年均降水量在 1 000 mm 以上, 其高海拔和低纬度是火棘生长得天独厚的自然生态条件。

1.2 样品采集

在采集地选择不同分布多位点的 5 株生长良好的火棘植株, 将整棵植株小心挖出后抖落土壤, 不伤害根系, 并将植株立即放入无菌样品袋中, 火棘根、茎、叶不同组织样品各 3 个重复, 分别命名为 HJG、HJJ、HJY, 置于 4 °C 环境下保存, 并在 48 h 内进行表面消毒处理。

1.3 样品处理

称取相同重量火棘根、茎、叶不同组织样品, 用自来水冲洗 10 min, 无菌纸吸干水分, 75% 乙醇处理 4 min, 经无菌水洗涤后, 用 3% NaClO 浸泡 3

min,再用无菌水冲洗3~4次,最后一遍无菌水洗涤液经涂布牛肉膏蛋白胨培养基检测,确认无菌后,对样品内生菌基因组DNA进行提取(李亮亮,2021)。

1.4 基因组 DNA 的提取及扩增测序

采用 FastDNASpincit (MPBiomedicals) 试剂盒对火棘不同组织样本进行总 DNA 的提取,经 1% 琼脂糖凝胶电泳检测所提取 DNA 的纯度和浓度后,送至上海美吉生物医药科技有限公司进行 PCR 扩增和高通量测序。本研究选用引物 799F (5'-AACMGGATTAGATACCKG-3')/1392R (5'-ACGGGCGGTGTGTRC-3') 和 799F (5'-AACMGGATTAGATACCKG-3')/1193R (5'-ACGTCATCCCCACCTTCC-3'), 该引物可在一定程度上避免寄主植物叶绿体和线粒体的污染 (Bulgarelli et al., 2012; Lundberg et al., 2012; Bulgarelli et al., 2015)。通过 PCR 对火棘内生菌 16S rRNA V5~V7 可变区进行扩增。20 μL PCR 反应体系为 4 μL 5 \times FastPfu Buffer, 2 μL dNTPs (2.5 mmol \cdot L⁻¹), 0.8 μL 5 $\mu\text{mol} \cdot \text{L}^{-1}$ 上下游引物, 0.4 μL FastPu Polymerase, 1 μL 10 ng \cdot μL^{-1} DNA 模板, 0.2 μL BSA, 用 dd H₂O 补充至 20 μL 。PCR 反应条件: 95 $^{\circ}\text{C}$ 预变性 3 min; 95 $^{\circ}\text{C}$ 变性 30 s, 55 $^{\circ}\text{C}$ 退火 30 s, 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 45 s, 30 个循环; 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 10 min 后 4 $^{\circ}\text{C}$ 保存。扩增产物用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测后, 利用高通量技术进行测序。

1.5 数据分析

测序完成后,使用 Flash 软件对序列进行拼接并筛选有效序列,然后使用 Uparse 软件进行 OTU 聚类。通过 Mothur 和 PICRUS 等软件对内生细菌进行 Alpha 多样性分析,代谢功能预测分析,从而获得火棘不同组织内生细菌功能相关信息。

2 结果与分析

2.1 火棘不同组织样品稀释曲线分析

图 1 和图 2 反映了样品测序深度,检验本次测序结果是否真实准确地覆盖整个类群,图中横坐标表示样品 reads 数量,纵坐标表示 OTU 水平多样性指数。由图 1 可知,随着测序 reads 数量增加,火棘根茎叶内生菌 Sobs 指数有微上升趋势,表明火棘叶中仍有部分内生群落的种群尚未被检测,若增加测序量,会增加样品的 OTU 数

量。但图 2 中 Shannon 稀释曲线显示,随着测序 reads 数量增加,火棘根茎叶内生菌 Shannon 指数已趋于平缓,说明增加测序量并不会增加样品的 OTU 数量。因此,基于现有测序数据得到的分析结果准确可靠。

2.2 火棘不同组织内生细菌 OTU 聚类及其多样性分析

由图 3 可知,通过对火棘不同组织内生细菌进行高通量测序并进行 OTU 聚类分析后共得到 OTU 数 1 818 个,其中,根的 OTU 数为 754 个,茎为 308 个,叶为 756 个,火棘的根、茎、叶共有的 OTU 数为 152 个,其中,茎、叶共有 54 个,根、叶共有 256 个,根、茎共有 23 个。

通过对火棘不同组织内生细菌进行高通量测序后,由表 1 可知,不同组织内生菌有效序列条数不同,分别为根 41 948 条、茎 37 180 条、叶 40 996 条,基于 OTU 水平对不同组织内生菌进行 Alpha 多样性指数进行分析,其中 Shannon 指数和 Simpson 指数表示群落多样性,Shannon 指数越高, Simpson 指数越低表明内生细菌群落多样性越高, Chao1 指数和 Ace 指数表示群落丰富度,指数值越高,说明群落丰富度越大。由表 1 可知,火棘不同组织内生菌群落多样性和丰富度存在差异,根部内生细菌的多样性和丰富度最高,茎部和叶部次之。

2.3 火棘不同组织内生细菌种群归类分析

对火棘根、茎、叶不同组织内生细菌物种分类阶层统计分析,火棘不同组织内生细菌一共可归类为 29 个门、71 个纲、175 个目、289 个科和 533 个属和 852 个种。火棘不同组织内生细菌的分类阶层存在较大差别。由表 2 可知,其根部和叶部的内生细菌多样性最为丰富,茎部次之。

2.4 火棘不同组织内生细菌群落组成及差异分析

2.4.1 火棘不同组织内生细菌门水平群落组成分析 由图 4 可知,所测 3 组不同组织样品中丰度较高的群落为变形菌门 (Proteobacteria)、厚壁菌门 (Firmicutes)、放线菌门 (Actinobacteria),不同组织中优势细菌门丰度差异很大,其中根中为 59.12% 变形菌门、5.25% 厚壁菌门和 30.35% 放线菌门,优势菌门为变形菌门和放线菌门;茎中为 68.15% 变形菌门、19.74% 厚壁菌门和 9.32% 放线菌门,优势菌门为变形菌门和厚壁菌门;叶中为 48.14% 变形菌门、31.56% 厚壁菌门和 14.26% 放线菌门,优势菌门为变形菌门和厚壁菌门。

表 1 火棘不同组织内生细菌多样性指数分析

Table 1 Diversity index analysis of endophytic bacteria in different tissues of *Pyracantha fortuneana*

样品名称 Sample name	有效序列条数 No. of valid sequences	OTU	Shannon 指数 Shannon index	Simpson 指数 Simpson index	Chao1 指数 Chao1 index	Ace 指数 Ace index
火棘根 HJG	41 948	756	4.93±0.15a	0.02±0.01a	462.63±7.87a	757.17±78.10a
火棘茎 HJJ	37 180	308	3.29±0.11b	0.08±0.02a	246.22±70.31b	338.79±129.42b
火棘叶 HJY	40 996	754	3.42±0.68b	0.08±0.07a	433.15±67.72a	456.51±13.87b

注: 同列数据后小写字母表示处理间存在显著性差异 ($P<0.05$)。

Note: Lowercase letters in the same column indicates significant differences between different treatments ($P<0.05$).

表 2 火棘不同组织内生细菌物种分类阶层统计

Table 2 Taxonomic rank statistics of endophytic bacteria in different tissues of *Pyracantha fortuneana*

样品名称 Sample name	门 Phylum	纲 Class	目 Order	科 Family	属 Genus	种 Species
火棘根 HJG	23	53	137	216	373	557
火棘茎 HJJ	21	32	76	126	204	270
火棘叶 HJY	21	52	130	210	380	581

2.4.2 火棘不同组织内生细菌科水平群落组成分析
由图 5 可知, 不同组织中优势菌科存在很大差别, 在火棘根中优势菌科为 15.30% 根瘤菌科 (*Rhizobiaceae*)、9.75% 黄色杆菌科 (*Xanthobacteraceae*)、8.00% 链霉菌科 (*Streptomycetaceae*) 和 6.84% 分支杆菌科 (*Mycobacteriaceae*) 和 5.29% 类诺卡氏菌科 (*Nocardioidaceae*); 火棘茎中优势菌科为 31.18% 草酸杆菌科 (*Oxalobacteraceae*)、14.88% 丛毛单胞菌科 (*Comamonadaceae*)、7.18% 假单胞菌科 (*Pseudomonadaceae*) 和 6.17% 葡萄球菌科 (*Staphylococcaceae*); 火棘叶中优势菌科为 13.07% 芽孢杆菌科 (*Bacillaceae*)、9.84% 假单胞菌科、8.31% 草酸杆菌科、7.33% 黄色杆菌科、5.34% 丛毛单胞菌科和 5.22% 乳杆菌科 (*Lactobacillaceae*)。

2.4.3 火棘不同组织内生细菌属水平群落组成分析
由图 6 可知, 不同组织中优势菌属存在很大差别, 在火棘根中优势菌属为 10.57% 异样根瘤菌属、8% 链霉菌属、6.84% 分支杆菌属 (*Mycobacterium*)、4.56% 类诺卡氏菌属 (*Nocardioides*)、5.28% 慢生根瘤菌属 (*Bradyrhizobium*); 火棘茎中优势菌属为 31.1% 马赛菌属、12.82% 未知分类的丛毛单胞菌科属、

7.18% 假单胞菌属 (*Pseudomonas*)、6.17% 葡萄球菌属 (*Staphylococcus*); 火棘叶中优势菌属为 8.03% 马赛菌属、12.31% 土芽孢杆菌属 (*Geobacillus*)、9.84% 假单胞菌属、4.71% 乳杆菌属 (*Lactobacillus*)。

2.5 火棘不同组织内生细菌 KEGG 代谢通路分析

将所测的基因数据与 KEGG 数据库中的信息进行对比, 从而获得火棘不同组织内生细菌的代谢通路相关信息 (表 3)。由表 3 可知, 火棘内生细菌所有菌群参与的生物代谢通路有 7 类, 包括新陈代谢细胞进程、环境信息处理、遗传信息处理、人类疾病、新陈代谢、生物体系统和未知分类, 其中根部参与各种功能活动的内生细菌物种丰度相对较高, 而茎部和叶部参与调控各种代谢的内生细菌丰度相对较低。

3 讨论与结论

本研究基于高通量测序技术, 对火棘根、茎、叶不同组织内生细菌群落多样性进行研究。本研究结果表明, 火棘不同组织内存在丰富的内生细菌, 不同组织内生细菌在不同分类水平上的优势菌群、细菌多样性及丰度信息存在较大差异。植物内生菌具有自身独特的组织专一性, 并且植物不同组织间内生菌多样性结构随植物的不同具有一定的差异 (许国琪等, 2020; 顾美英等, 2021), 这种差异性可能与其自身所处生境的特殊性及其在长期适应环境过程中形成了自身独特的细菌群落特征。本研究中火棘不同组织内生菌共隶属于 29 个门 71 个纲 175 个目 289 个科 533 个属 852 个种, 表现出丰富的生物多样性。在门分类水平上, 变形菌门是火棘不同组织内的优势类群, 在根部、茎部和叶部的丰度分别为 59.12%、68.15% 和

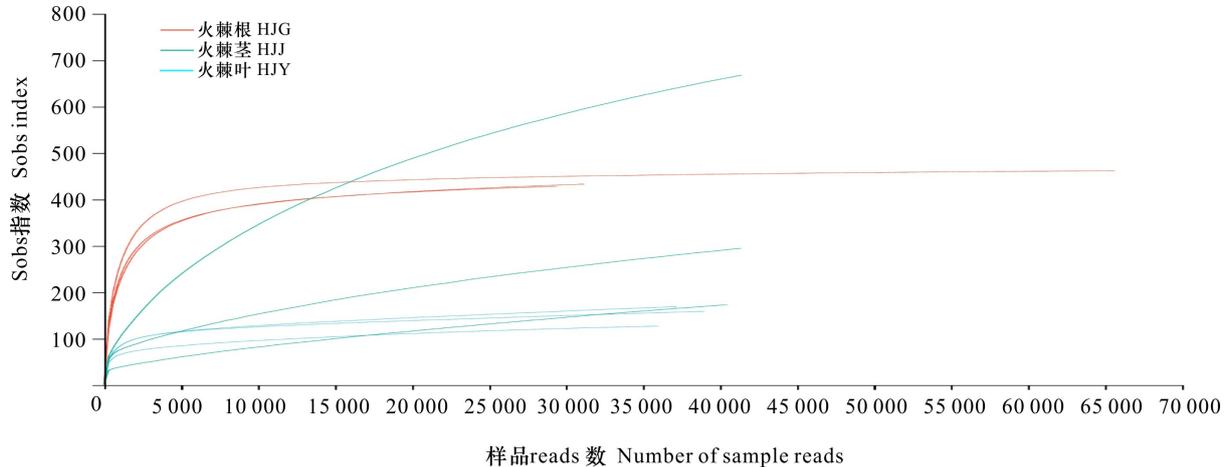


图 1 基于 OTU 水平的火棘不同组织内生细菌的 Sobs 稀释曲线

Fig. 1 Sobs rarefaction curve for endophytic bacteria on OTU level in different tissues of *Pyracantha fortuneana*

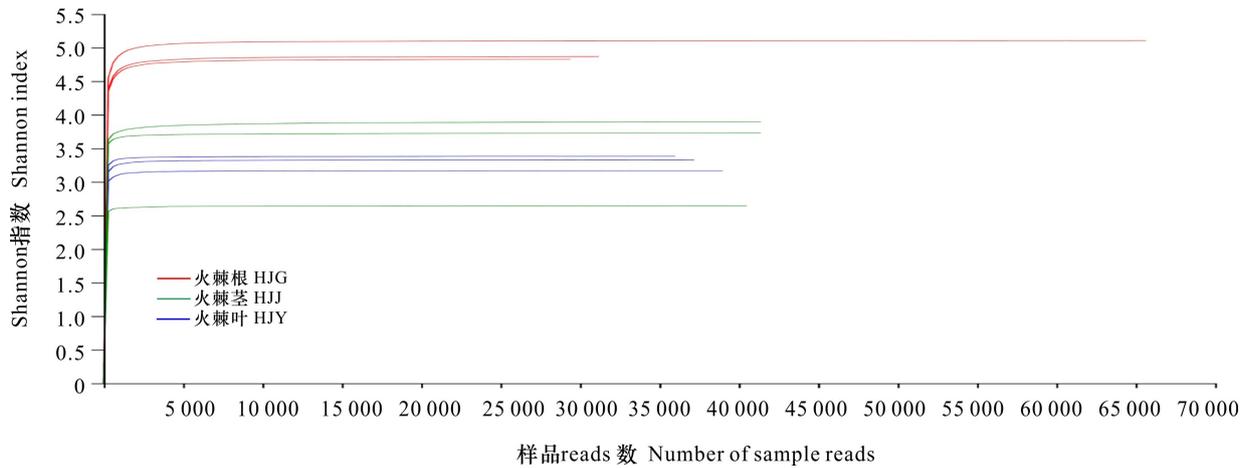


图 2 基于 OTU 水平的火棘不同组织内生细菌的 Shannon 稀释曲线

Fig. 2 Shannon rarefaction curve for endophytic bacteria on OTU level in different tissues of *Pyracantha fortuneana*

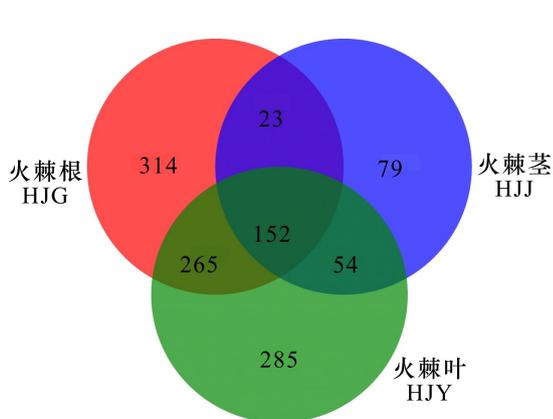


图 3 火棘不同组织内生细菌 OTUs Venn 图
Fig. 3 OTUs Venn analysis on endophytic bacteria in different tissues of *Pyracantha fortuneana*

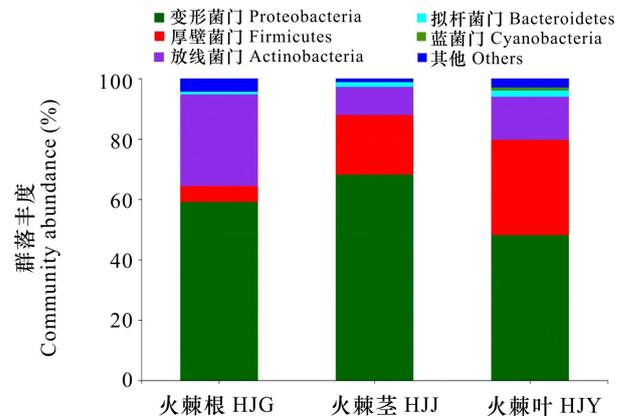


图 4 基于门水平的火棘不同组织内生细菌群落图
Fig. 4 Community chart of endophytic bacteria in different tissues of *Pyracantha fortuneana* based on phylum level

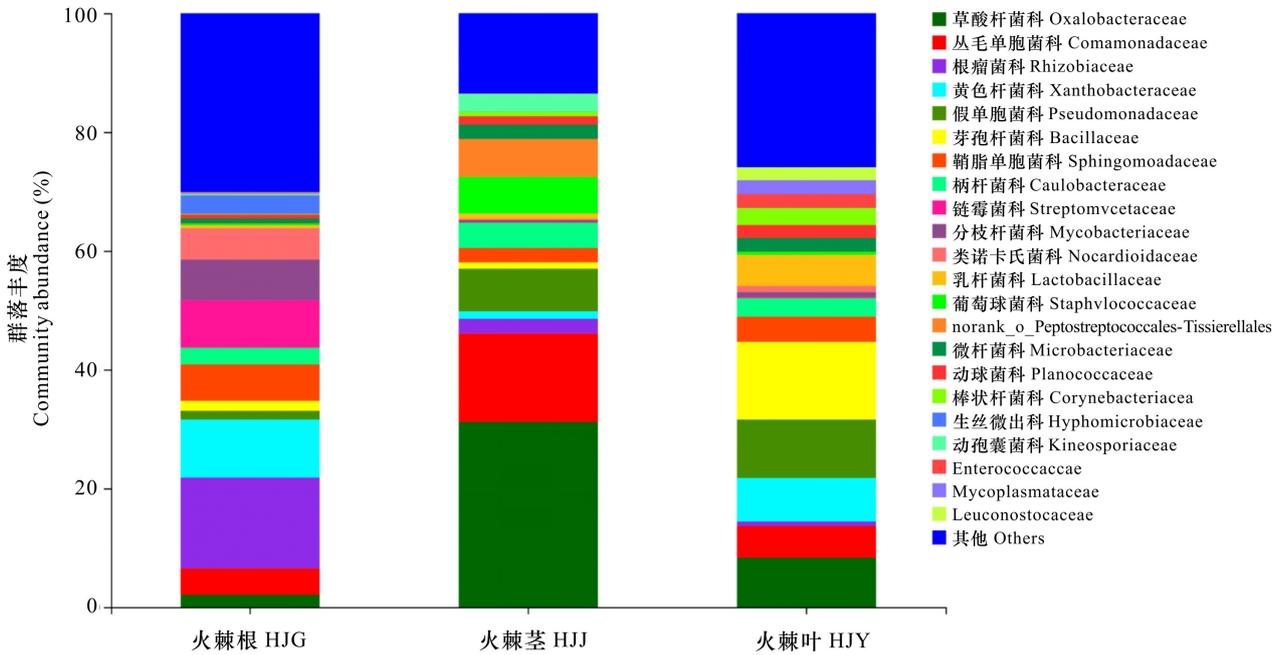


图 5 基于科水平的火棘不同组织内生细菌群落图

Fig. 5 Community chart of endophytic bacteria in different tissues of *Pyracantha fortuneana* based on family level

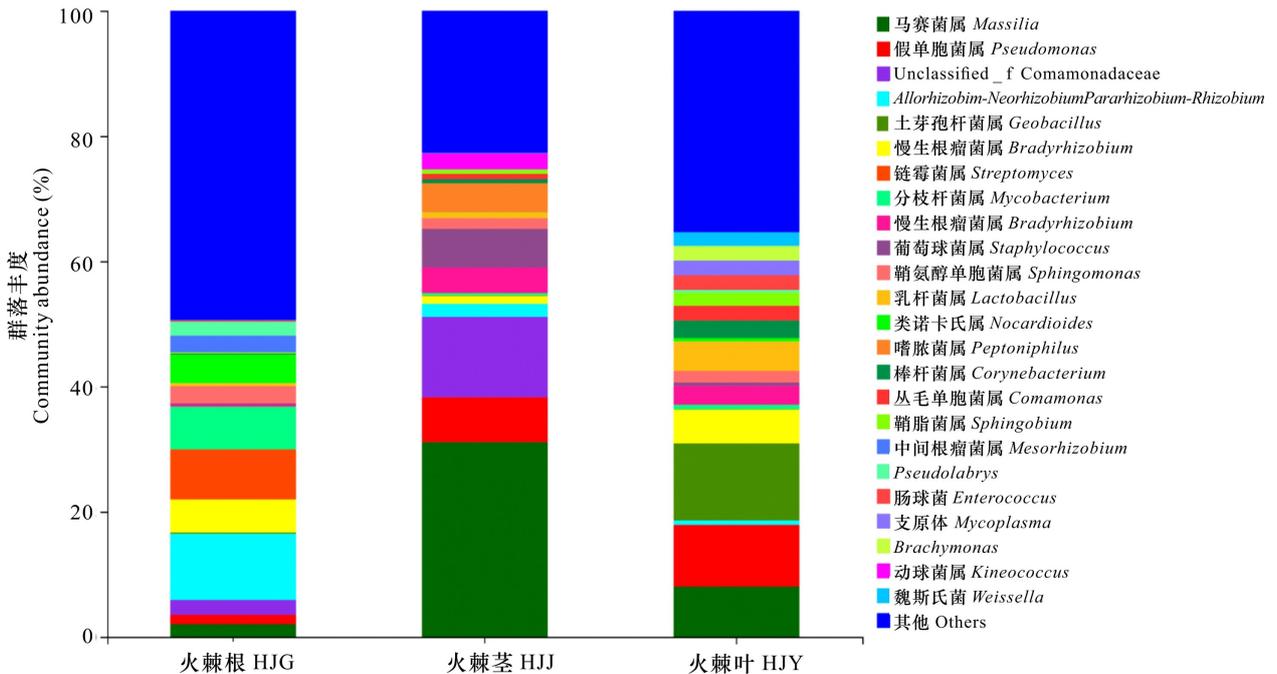


图 6 基于属水平的火棘不同组织内生细菌群落图

Fig. 6 Community chart of endophytic bacteria in different tissues of *Pyracantha fortuneana* based on genus level

48.14%。在植物体内,变形菌门的物种和遗传多样性极其丰富,分布最为广泛,常被应用于植物病

害防治和生物固氮(殷冬梅等,2013;李颖波等,2016;刘豪等,2019;李亮亮,2021)。同时,该菌门

表 3 火棘不同组织内生细菌 KEGG 代谢通路分析
Table 3 KEGG metabolic pathway abundance of endophytic bacteria in different tissues of *Pyracantha fortuneana*

代谢通路 Metabolic pathway	火棘根 HJG	火棘茎 HJJ	火棘叶 HHY
细胞进程 Cellular process	6 587 600	7 555 718	4 939 908
环境信息处理 Environmental information processing	26 838 073	23 537 550	18 173 316
遗传信息处理 Genetic information processing	24 172 353	17 949 902	20 449 632
人类疾病 Human disease	1 970 358	1 263 249	1 427 339
新陈代谢 Metabolism	94 822 113	58 056 068	65 314 085
生物体系统 Organismal system	1 542 565	917 582	1 192 531
未知分类 Unclassified	22 560 933	15 681 930	18 930 178

在火棘根、茎和叶中也占有较高的比例,在植物生长过程中可产生种类较多的抗生素(Kazuhide et al., 2014;李亮亮,2021),是一类非常重要的生防微生物。另外,根中分离到的链霉菌属具有抑制作用;异样根瘤菌属和慢生根瘤菌属具有固氮作用,这与张爱梅等(2021)的研究结果相同。火棘茎叶中含量最多的马赛菌属具有溶磷作用(Zhao et al., 2017),假单胞菌属和土芽孢菌属具有生防作用。

对火棘不同组织内有效测序数和 OTU 数的研究表明,火棘根部内生细菌的有效测序数和 OTU 数目最多,多样性最为丰富,茎部和叶部次之,这与一些研究者研究结果相似,如对花生、水稻和小麦等研究中,根部的内生细菌多样性均高于其他组织(林标声等,2018;沙月霞,2018; Kiani et al., 2019;李亮亮等,2021),这可能与根部部分内生菌来源于土壤,土壤中的部分微生物可以进入火棘根系有关,但随着火棘植株的生长发育,土壤中的一些微生物进入火棘根系后没有继续沿维管束系统扩展,从而成为根部的独有物种。

PICRUSt 基因功能预测分析表明,火棘不同组织中参与新陈代谢相关内生细菌的功能基因相对丰度最高,这可能与火棘含有丰富的氨基酸、维生素、果胶和可溶性糖等活性成分有关。另外,火棘内生细菌基因中也包含有维生素、氨基酸类、萜

类、多糖和酮类及其他次生代谢产物等与植物成分生物合成有关的通路。这与赵柏霞和闫建芳(2023)研究结果相似。因此,通过获得火棘不同组织中内生细菌与有效化学成分合成的相关基因信息,协调火棘中有效成分生物合成和运输分解,为挖掘内生细菌资源提供一定的参考依据。

参考文献:

- BECKERS B, OPDE BEECK M, WEYENS N, et al., 2017. Structural variability and niche differentiation in the rhizosphere and endosphere bacterial microbiome of field-grown poplar trees [J]. *Microbiome*, 5: 25.
- BULGARELLI D, GARRIDO-OTER R, MUNCH PC, et al., 2015. Structure and function of the bacterial root microbiota in wild and domesticated barley [J]. *Cell Host Microb*, 17(3): 392-403.
- BULGARELLI D, ROTT M, SCHLAEPPI K, et al., 2012. Revealing structure and assembly cues for *Arabidopsis* root-inhabiting bacterial microbiota [J]. *Nature*, 488 (7409): 91-95.
- CHEN ZM, TIAN XM, WU YF. 2010. Isolation of endophytes from *Pyracantha fortuneana* and the test on fungistasis of some endophytic fungi [J]. *Acta Agric Oreal-Occident Sin*, 19(1): 64-67. [陈志敏, 田小曼, 吴云锋, 2010. 火棘内生真菌的分离及抑菌活性测定 [J]. *西北农业学报*, 19(1): 64-67.]
- DEFEZ R, ANDREOZZI A, BIANCO C, 2017. The overproduction of indole-3-acetic acid (IAA) in endophytes upregulates nitrogen fixation in both bacterial cultures and inoculated rice plants [J]. *Microb Ecol*, 74(2): 441-452.
- FAN JB, ZHANG YL, WANG DS, et al., 2008. Research progress on high nitrogen up take and utilization by rice plants [J]. *J Nanjing Agric Univ*, 31(2): 129-134. [樊剑波, 张亚丽, 王东升, 等, 2008. 水稻氮素高效吸收利用机理研究进展 [J]. *南京农业大学学报*, 31(2): 129-134.]
- GU MY, GU LINISHA · SYM, ZHANG ZD, et al., 2021. Diversity and function analysis of endophytic bacterial community in different tissues of *Lycium ruthenicum* Murr. [J]. *Acta Microbiol Sin*, 61(1): 152-166. [顾美英, 古丽尼沙·沙依木, 张志东, 等, 2021. 黑果枸杞不同组织内生细菌群落多样性 [J]. *微生物学报*, 61(1): 152-166.]
- KAZUhide R, MASAHIKO M, TAI W, 2014. Seed maturation regulators are related to the control of seed dormancy in wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. *PLoS ONE*, 9(9): e107618.
- KIANI T, KHAN SA, NOUREEN N, YASMIN T, et al., 2019. Solation and characterization of culturable endophytic bacterial community of stripe rust-resistant and stripe rust-susceptible Pakistani wheat cultivars [J]. *Int Microbiol*,

- 22(2): 191–201.
- LI JX, HUANG SE, LIANG XC, 2012. Progress in research and development of *Pyracantha fortuneana* [J]. Food Mach, 28(6): 260–263. [李加兴, 黄寿恩, 梁先长, 2012. 火棘研究开发进展 [J]. 食品与机械, 28(6): 260–263.]
- LI LL, LEI G, LI L, et al., 2021. Diversity analysis on endophytic bacterial community in different organs of *Arachis hypogaea* Linn. based on high throughput sequencing [J]. J Peanut Sci, 50(2): 1–7. [李亮亮, 雷高, 李磊, 等, 2021. 基于高通量测序分析花生不同器官内生细菌群落多样性 [J]. 花生学报, 50(2): 1–7.]
- LI LL, TAN JJ, CHEN FM, 2017. The screening and identification of two bacterial strains with nematicidal activity against *Bursaphelenchus xylophilus* [J]. J Nanjing For Univ (Nat Sci Ed), 41(4): 37–41. [李亮亮, 谈家金, 陈凤毛, 2017. 两株松材线虫拮抗细菌的筛选和鉴定 [J]. 南京林业大学学报(自然科学版), 41(4): 37–41.]
- LI YB, GUO GM, LIU CH, et al., 2016. Cloning and expression characterization of *HvLEC1* in *Hordeum vulgare* L. [J]. J Plant Genet Resour, 17(4): 732–737. [李颖波, 郭桂梅, 刘成洪, 等, 2016. 大麦 *HvLEC1* 基因的克隆及其表达特征分析 [J]. 植物遗传资源学报, 17(4): 732–737.]
- LIN BS, SONG ZZ, ZHANG LL, et al., 2018. Composition diversity and differences of endophytic bacteria in root, stem and leaf at different growth stages of *Pennisetum* sp. [J]. J Fujian Agric For Univ (Nat Sci Ed), 47(3): 352–360. [林标声, 宋昭昭, 张丽丽, 等, 2018. 巨菌草不同生长时期根、茎、叶内生细菌组成的多样性及差异 [J]. 福建农林大学学报(自然科学版), 47(3): 352–360.]
- LIU H, WANG YL, MENG XD, et al., 2019. Cloning and expression analysis of *TaLEC1* gene from wheat [J]. Acta Bot Boreal-Occident Sin, 39(5): 904–910. [刘豪, 王艳丽, 孟晓丹, 等, 2019. 小麦 *TaLEC1* 基因的克隆及其表达特性分析 [J]. 西北植物学报, 39(5): 904–910.]
- LIVAK KJ, SCHMITTGEN TD, 2001. Analysis of relative gene expression data using real-time quantitative PCR and the $2^{-\Delta\Delta CT}$ method [J]. Meth, 25(4): 402–408.
- LUNDBERG DS, LEBEIS SL, PAREDES SH, et al., 2012. Defining the core *Arabidopsis thaliana* root microbiome [J]. Nature, 488(7409): 86–90.
- OWNLEY BH, GWINN KD, VEGA FE, 2010. Endophytic fungal entomopathogens with activity against plant pathogens: ecology and evolution [J]. Biol Control, 55(1): 113–128.
- PHAM VTK, REDIERS H, GHEQUIRE MGK, et al., 2017. The plant growth-promoting effect of the nitrogen-fixing endophyte *Pseudomonas stutzeri* A15 [J]. Arch Microbiol, 199(3): 513–517.
- SHA YX. 2018. Diversity of bacterial endophytic community in different rice tissues [J]. Acta Microbiol Sin, 58(12): 2216–2228. [沙月霞, 2018. 不同水稻组织内生细菌的群落多样性 [J]. 微生物学报, 58(12): 2216–2228.]
- SURYANARAYANYAN TS, GOPALAN V, SHAANKER RU, et al., 2017. Translating endophyte research to applications: prospects and challenges [J]. Divers Benefits Microorgan Trop: 343–365.
- XU GQ, LIU YX, CAO PX, et al., 2020. Core microflora and endophytic interaction network of *Oxytropis glacialis* in Qinghai-Tibet Plateau [J]. Microbiol Chin, 47(9): 2746–2758. [许国琪, 刘怡萱, 曹鹏熙, 等, 2020. 青藏高原冰川棘豆 (*Oxytropis glacialis*) 内生菌核心微生物组的界定及其互作网络分析 [J]. 微生物学通报, 47(9): 2746–2758.]
- XU T, LI Y, ZENG XD, et al., 2017. Isolation and evaluation of endophytic *Streptomyces endus* Osi Sh-2 with potential application for biocontrol of rice blast disease [J]. J Sci Food Agric, 97(4): 1149–1157.
- YANG X, DU QN, QI WW, et al., 2018. Studies on the isolation and growth-promotion of endophyte in peanut [J]. J Peanut Sci, 47(3): 19–25. [杨鑫, 杜全能, 齐文武, 等, 2018. 花生内生菌的分离及促生长作用初步研究 [J]. 花生学报, 47(3): 19–25.]
- YIN DM, SONG JJ, ZHANG XG, et al., 2013. Microstructure of peanut seeds at different developmental stages [J]. J Nucl Agric Sci, 27(3): 344–349. [殷冬梅, 宋佳静, 张苹果等, 2013. 花生种子在不同发育时期的显微结构分析 [J]. 核农学报, 27(3): 344–349.]
- YU DJ, JANG WF, 1974. Flora Reipublicae Popularis Sinicae [M]. Beijing: Science Press, 36: 179–186. [俞德浚, 江万福, 1974. 中国植物志 [M]. 北京: 科学出版社, 36: 179–186.]
- ZHANG AM, WU JY, HAN XY, et al., 2019. Screening and identification of antagonistic and plant-growth promoting endophytic bacteria from seabuckthorn nodules [J]. Microbiol Chin, 46(5): 1041–1051. [张爱梅, 吴菊艳, 韩雪英, 等, 2019. 沙棘根瘤内生细菌中抑菌促生菌株的筛选和鉴定 [J]. 微生物学通报, 46(5): 1041–1051.]
- ZHANG AM, YIN YR, KONG WB, et al., 2021. Diversity of endophytic bacteria in five tissues of *Hippophae tibetana* [J]. Biodivers Sci, 29(9): 1236–1244. [张爱梅, 殷一然, 孔维宝, 等, 2021. 西藏沙棘 5 种不同组织内生细菌多样性 [J]. 生物多样性, 29(9): 1236–1244.]
- ZHANG JH, 2014. A method for making *Pyracantha fortuneana* jam [P]. CN201410335287.3, 2014–12–03. [张俊辉, 2014. 一种火棘果酱的制作方法 [P]. CN201410335287.3, 2014–12–03.]
- ZHAO BX, YAN JF, 2023. Diversity analysis of endophytic bacterial community in different tissues of “Summit” sweet cherry using high-throughput sequencing [J]. J Agric Sci Technol, 25(3): 66–77. [赵柏霞, 闫建芳, 2023. 高通量技术分析‘砂蜜豆’甜樱桃不同组织内生细菌多样性 [J]. 中国农业科技导报, 25(3), 66–77.]
- ZHAO X, LI XJ, QI N, et al., 2017. *Massilia neuiana* sp. nov., isolated from wet soil [J]. Int J Syst Evol Microbiol, 67(12): 4943–4947.

(责任编辑 李 莉 王登惠)