

DOI:10.13718/j.cnki.zwyx.2025.02.004

烟草疫霉与茄科劳尔氏菌共存时 烟草疫霉的生物学特性

王清^{1,2}, 汤梅³, 蔡刘体², 周凤⁴, 汪汉成², 章松柏¹

1. 农业农村部长江中游作物绿色高效生产重点实验室, 长江大学, 湖北 荆州 434025;

2. 贵州省烟草科学研究院, 贵阳 550081;

3. 西南大学 植物保护学院, 重庆 400715;

4. 长江大学 生命科学学院, 湖北 荆州 434025

摘要: 烟草青枯病与烟草黑胫病为制约烟草生产的两种主要根茎类病害, 本文旨在探究两病原菌共存时烟草疫霉的生物学特性及其病际微生物碳源代谢特征。通过“交叉”法、孢子计数法测定病原菌共存时烟草疫霉菌丝生长速率、孢子囊数量、游动孢子的形成与释放情况以及病原菌的致病性, 测定病际微生物的碳源代谢功能, 分析烟草疫霉的生物学特性。结果表明: ①与茄科劳尔氏菌共培养时, 烟草疫霉菌丝生长速率达 13.71 mm/d; 培养过程中菌丝鲜重增加, 孢子囊数量增加且不影响烟草疫霉游动孢子的形成与释放; 致病性增强、叶片黄化加快。②烟叶病际微生物可高效代谢 β -甲基-D-葡萄糖苷、L-天冬酰胺酸、 γ -羟基丁酸等 14 种碳源, 共培养时病际微生物碳源代谢能力减弱, 仅可高效代谢甘氨酸-L-谷氨酸、 α -D-乳糖、D-苹果酸等 13 种碳源。茄科劳尔氏菌与烟草疫霉共存时会促进烟草疫霉菌丝生长和孢子囊形成, 致病性增强, 病际微生物碳源代谢能力减弱。

关键词: 烟草疫霉; 茄科劳尔氏菌; 生物量;

孢子囊; 碳源代谢功能

中图分类号: S435

文献标志码: A

开放科学(资源服务)标识码(OSID):



文章编号: 2097-1354(2025)02-0036-09

Biological Characteristics of *Phytophthora nicotianae* under Co-culture with *Ralstonia solanacearum*

收稿日期: 2024-05-30

基金项目: 贵州省烟草公司科技项目 (2020XM03, 2024XM06); 贵州省“百层次”创新型人才 (黔科合平台人才-GCC [2022] 028-1), 贵州省创新人才团队建设项目 (黔科合平台人才 CXTD[2023]021)。

作者简介: 王清, 硕士, 主要从事烟草植物保护研究。

通信作者: 章松柏, 教授。

WANG Qing^{1,2}, TANG Mei³, CAI Liuti²,
ZHOU Feng⁴, WANG Hancheng², ZHANG Songbai¹

1. MARA Key Laboratory of Sustainable Crop Production in the Middle Reaches of the Yangtze River,

Yangtze University, Jingzhou, Hubei 434025, China;

2. Guizhou Academy of Tobacco Sciences, Guiyang 550081, China;

3. College of Plant Protection, Southwest University, Chongqing 400715, China;

4. College of Life Sciences, Yangtze University, Jingzhou, Hubei 434025, China

Abstract: Tobacco bacterial wilt and tobacco black shank disease are two of important root and stem diseases that restrict tobacco production. Aims of this study are to explore the effects of coexistence of two pathogens on the biological characteristics and carbon source metabolism of microorganisms in the *Phytophthora nicotianae* infected tobacco. Biological measurements were made by the methods of ‘cross’ and spore counting to determine the growth rate of *P. nicotianae*, the number of sporangia, the production and release of zoospores, and the pathogenicity of the pathogen in co-culture. The carbon source metabolic function of microorganisms in infected tobacco was investigated, the biological characteristics of *P. nicotianae* were analyzed. Results showed that: ① When co-cultured with *Ralstonia solanacearum*, the growth rate of *P. nicotianae* reached to 13.71 mm/d, and the fresh weight of mycelium and the number of sporangia were increased, which did not affect the production and release of zoospores of *P. nicotianae*. The pathogenicity was increased and leaf yellowing was accelerated. ② Microorganisms in diseased tobacco leaves susceptible to tobacco black shank disease could efficiently metabolize 14 carbon sources, including β -methyl-*D*-glucoside, *L*-aspartic acid, γ -hydroxybutyric acid, etc. The metabolizing ability of microorganisms in diseased tobacco was weakened under the co-culture, and it could only efficiently metabolize 13 carbon sources, including glycyl-*L*-glutamate, α -*D*-lactose, and *D*-malic acid, etc. Co-culture of *R. solanacearum* with *P. nicotianae* can promote mycelial growth and sporocarp formation of *P. nicotianae*, enhance the pathogenicity of *P. nicotianae*, and the ability of microorganisms in diseased tobacco for metabolization of the carbon source is weakened.

Key words: *Phytophthora nicotianae*; *Ralstonia solanacearum*; biomass; sporangia; carbon source metabolism

烟草(*Nicotiana tabacum* L.)是我国重要经济作物,由茄科劳尔氏菌(*Ralstonia solanacearum*)引起的烟草青枯病和烟草疫霉(*Phytophthora nicotianae*)引起的烟草黑胫病是烟叶生产上的两种主要土传病害^[1-2]。两种病害常复合侵染烟株^[3-4],严重时发病率高达75%^[5],在连作和高温高湿环境下,产量损失可达100%^[6]。长期连作导致病原菌耐药性逐年增强,病害复合侵染后更难防控^[7-8]。

了解病原菌生物学特性是研究病害灾变规律的基础。烟草疫霉在21~35℃的条件下生长良好且具有致病性^[9],30℃时生长速度较快,35℃时致病性较强;在28~32℃条件下宜产生孢子及萌发菌丝。进一步研究显示,菌株在30℃时具有广泛的营养需求特性、渗透压和pH适应能力,同时具有较强的致病性^[10]。茄科劳尔氏菌在低于20℃环境中无致病性,30~35℃条件下致病性最强,繁殖效率最高^[11],对35℃时的渗透压和pH适应能力高于20~24℃时^[12]。以上均为单一病原菌生物学特性,在烟叶生长中后期,两种病害常混合发生,存在复合侵染的情况,但两种病原菌共存时,烟草疫霉的生物学特性变化规律尚不明确。

碳源是影响植物病原菌生存和致病性的主要营养物质^[13], 病害发生后, 其病际微生物的碳源代谢功能可反映植物健康情况。Biolog ECO 微平板法可快速检测微生物群落对不同碳源的代谢值, 反映不同环境下微生物群落代谢差异特征^[14], 目前尚不清楚当烟草青枯病与烟草黑胫病复合侵染时, 其烟叶病际微生物群落间的代谢功能变化。

本文测定了茄科劳尔氏菌和烟草疫霉共存时烟草疫霉的生物学特性及致病性, 并通过 Biolog ECO 代谢表型技术测定其病际微生物的碳源代谢值, 旨在探究两种病害复合侵染规律, 为烟草黑胫病和青枯病的联合防控提供参考依据。

1 材料与方法

1.1 材料

1.1.1 供试菌株与品种

茄科劳尔氏菌 RS#9 和烟草疫霉菌 HJ7 均由本试验室前期分离鉴定获得。试验烟草品种为云烟 85, 由贵州省烟草科学研究院提供。

1.1.2 供试培养基

酪蛋白氨基酸葡萄糖培养基(CPG): 酪蛋白水解物 1.0 g, 蛋白胨 10 g, 蔗糖 5.0 g。

半选择性培养基(SMSA): 蛋白胨 10 g, 甘油 5.0 g, 酪蛋白水解物 1.0 g, 琼脂 15 g, 高压灭菌后的溶液中加入 1% 结晶紫试剂 5 mL, 2% TTC 试剂 2.5 mL, 杆菌肽 25 mg, 多粘菌素 B 100 mg, 氯霉素 5 mg, 氨苄青霉素 0.5 mg。

利马豆培养基(LBA)^[15]: 利玛豆 60 g/L 煮沸 1 h 并过滤, 滤液中加入 15 g 琼脂, 不加琼脂时即 LB 培养基。

10% V8 培养基: 900 mL 无菌水中加入 100 mL 坎贝尔 V8 果汁和 0.2 g 碳酸钙。

以上培养基中各组分均为配制 1 000 mL 培养基用量, pH 为自然值。

1.1.3 鉴定系统和代谢板

Biolog Omnilog 全自动微生物鉴定系统和 Biolog ECO 碳源代谢板(No.1506), 购自美国 Biolog 公司。

1.2 生物学习性

1.2.1 烟草疫霉菌丝生长速率

将烟草疫霉菌 HJ7 接种于含 250 $\mu\text{g/mL}$ 氨苄青霉素的 LBA 平板上, 于 28 $^{\circ}\text{C}$ 黑暗条件下预培养 7 d。将茄科劳尔氏菌菌株 RS#9 在 SMSA 培养基上划线培养, 挑取单菌落置于盛有 50 mL CPG 培养基的三角瓶中, 28 $^{\circ}\text{C}$ 、200 r/min 摇培 12 h, 菌液浓度达到 2×10^9 cfu/mL 时备用。在烟草疫霉菌落外缘打取直径 6 mm 的菌饼接种于预先涂布 30 μL /皿茄科劳尔氏菌菌液的 LBA 培养基上(共培养处理组), 以只接种菌饼的 LBA 平板作为烟草疫霉对照组, 每处理重复 3 次。接种后 1~5 d 分别通过“十字交叉”法测量烟草疫霉菌落直径, 计算菌丝生长速率^[16]。

1.2.2 烟草疫霉菌丝生物量

在培养 7 d 的 HJ7 菌落外周制备直径 6 mm 的菌饼, 将其置于盛有 50 mL LB 培养基的三角瓶中, 每瓶 10 个菌饼, 接菌后向各三角瓶里添加 200 μL 浓度为 2×10^9 cfu/mL 的 RS#9 菌液(共培养处理组), 以不添加菌液的处理作烟草疫霉对照组, 各 6 次重复。接菌后, 将三角瓶置于 28 $^{\circ}\text{C}$ 、180 r/min 的摇床中培养, 分别培养 1 d、3 d、5 d、7 d、10 d 后在无菌条件下过滤菌

丝并称取菌丝鲜重,计算各处理组的菌丝鲜重增量。烘干后称取菌丝干重,比较不同处理的干重差异。

1.2.3 烟草疫霉孢子囊数量及游动孢子释放情况

在 28 ℃ 培养 7 d 的 HJ7 菌落外周打取 10 个直径 6 mm 的菌饼,放入含 20 mL 液体 V8 培养基的培养皿中,加入 200 μ L 浓度为 2×10^9 cfu/mL 的 RS#9 菌液(共培养处理组),以不添加菌液的处理作为烟草疫霉对照组,各 6 次重复。在 28 ℃ 黑暗条件下培养 72 h 后持续光照 3 d 诱导产生孢子囊^[17-18],待菌丝上产生大量孢子囊后,两组各挑取适量菌丝置于显微镜下利用血球计数板测定单位面积(mm^2)的孢子囊数量。除去培养皿中的液体,重新加入 10 mL 无菌水,置于 4 ℃ 冰箱 30 min 后转至 25 ℃ 培养箱中全黑暗培养约 2 h,刺激孢子囊释放游动孢子,显微镜观察游动孢子释放情况。

1.3 致病性及病际微生物碳源代谢功能

在 28 ℃ 黑暗培养 7 d 的 HJ7 菌落外围打取 10 个直径 6 mm 的菌饼,其中一份与茄科劳尔氏菌共培养后备用。采集云烟 85 健康烟苗(6~7 叶期)第 3~4 叶位叶片,用无菌水冲洗 2 次后晾干,在叶片主脉两侧选择两个点位接种^[19]。以接种 LBA 培养基的刺伤叶片为空白对照组,将直径 6 mm 菌饼接种于刺伤烟叶上作为烟草疫霉对照组,以接种共培养后烟草疫霉菌饼的烟叶作为共培养处理组,每个处理 6 次重复。接菌后,将叶片置于 30 ℃ 光照培养箱中(L/D:12 h/12 h, RH: 90% $\pm$ 2%, 光照强度: 6000 Lux)。培养 1 d、3 d、5 d 后,采用“十字交叉法”分别测量各处理的病斑直径。

观测结束后,用消毒剪刀剪取 5 g 空白对照组刺伤部位叶片及各处理组病际组织叶片,放在盛有 50 mL 0.8% 的无菌生理盐水的 100 mL 三角瓶中,28 ℃、180 r/min 摇培 2 h,静置 30 min 后吸取上清液依次加入 Biolog ECO 代谢板微孔中,每孔 100 μ L。将接菌后的 ECO 代谢板置于 Omnilog 恒温培养箱,28 ℃ 培养 7 d,采用 Biolog 仪器专用软件收集病际微生物碳源代谢的颜色值^[20],使用 HemI 软件制作热图。

1.4 数据处理及统计分析

使用 Excel 2019、DPS 2019、Sigma Plot、HemI 等软件进行数据处理与统计分析。

2 结果与分析

2.1 烟草疫霉菌丝生长速率和生物量

烟草疫霉对照组菌丝生长速率平均为 11.92 mm/d,第 4 d 生长速率最快,达到 14.16 mm/d;共培养处理组菌丝生长速率平均为 13.71 mm/d,第 4 d 生长速率最快,达到 17.09 mm/d(图 1a)。如图 1b 所示,组间不存在显著性差异($p > 0.05$)。

摇培时,烟草疫霉对照组菌丝鲜重在第 1~7 d 内平均增长 82.08 mg/d,共培养处理组菌丝鲜重在第 1~7 d 内平均增长 52.29 mg/d(图 1c),共培养处理组的菌丝鲜重增量显著低于对照组(图 1d)。培养期间,烟草疫霉对照组菌丝干重平均增加 58 mg/d,共培养处理组增加 49 mg/d,组间不存在显著性差异(图 1e)。

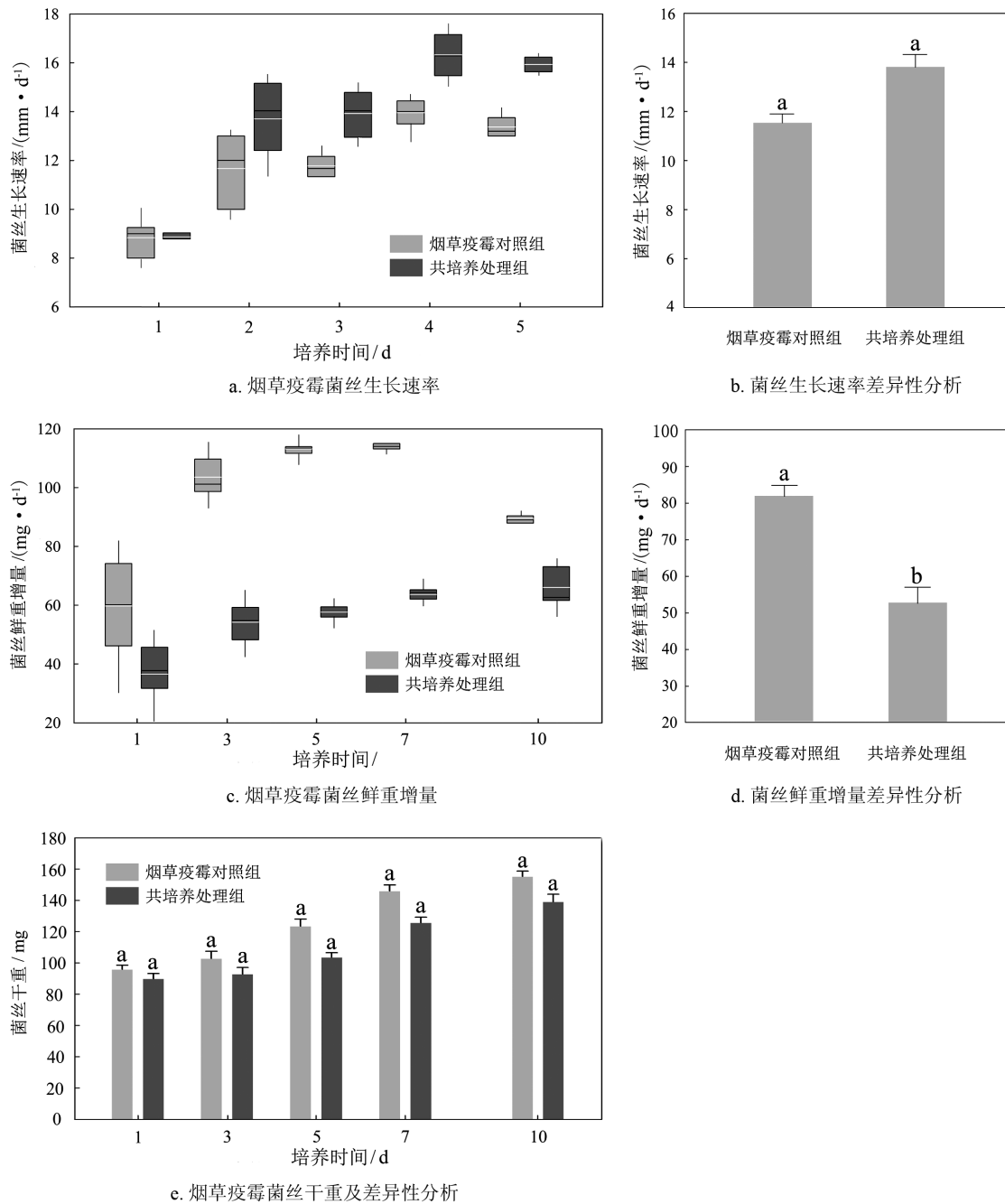


图1 共培养时烟草疫霉菌丝生长速率与生物量

2.2 烟草疫霉孢子囊数量及游动孢子释放情况

孢子囊形成情况如图2a、图2b所示,共培养处理组孢子囊数量平均为64.6个/mm²,烟草疫霉对照组平均值为28.6个/mm²,显著低于共培养处理组(图2c)。共培养处理不影响烟草疫霉孢子囊正常释放游动孢子,烟草疫霉对照组(图2d)和共培养处理组(图2e)的游动孢子均能正常形成休止孢。

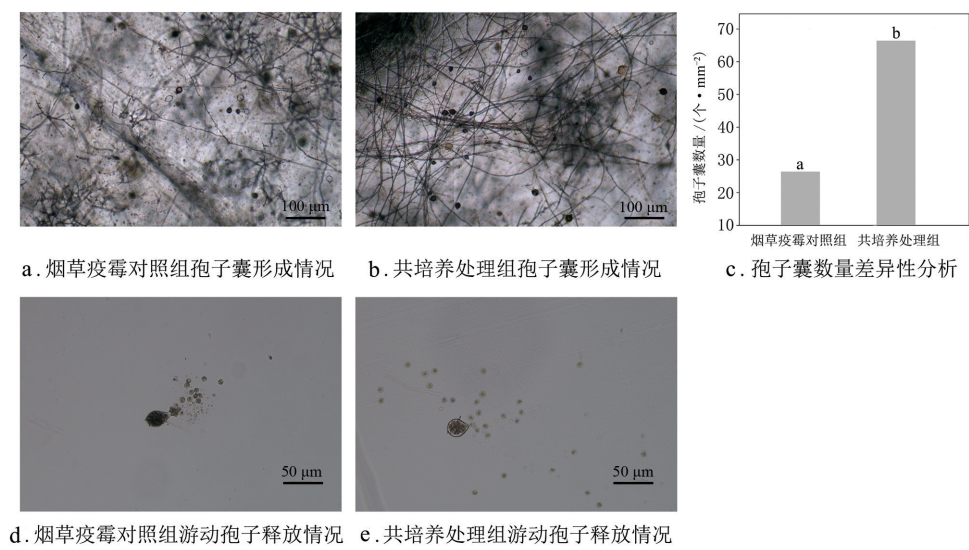


图 2 共培养时烟草疫霉孢子囊形成及游动孢子的释放

2.3 致病性及病际微生物碳源代谢功能

致病性结果(图 3a、图 3b)表明:第 1 d 时,烟草疫霉对照组与共培养处理组间病斑直径存在显著差异(图 3d)。第 3 d 时,烟草疫霉对照组与共培养处理组的病斑直径不存在显著性差异,共培养处理组病斑周围黄化,病斑中心穿孔。第 5 d 时,烟草疫霉对照组病斑面积增幅较小,病斑直径由第 1 d 的 27.25 mm 增至 61.67 mm;共培养处理组病斑周围黄化面积扩大至整叶,叶片萎蔫,病斑直径增至 78.46 mm。

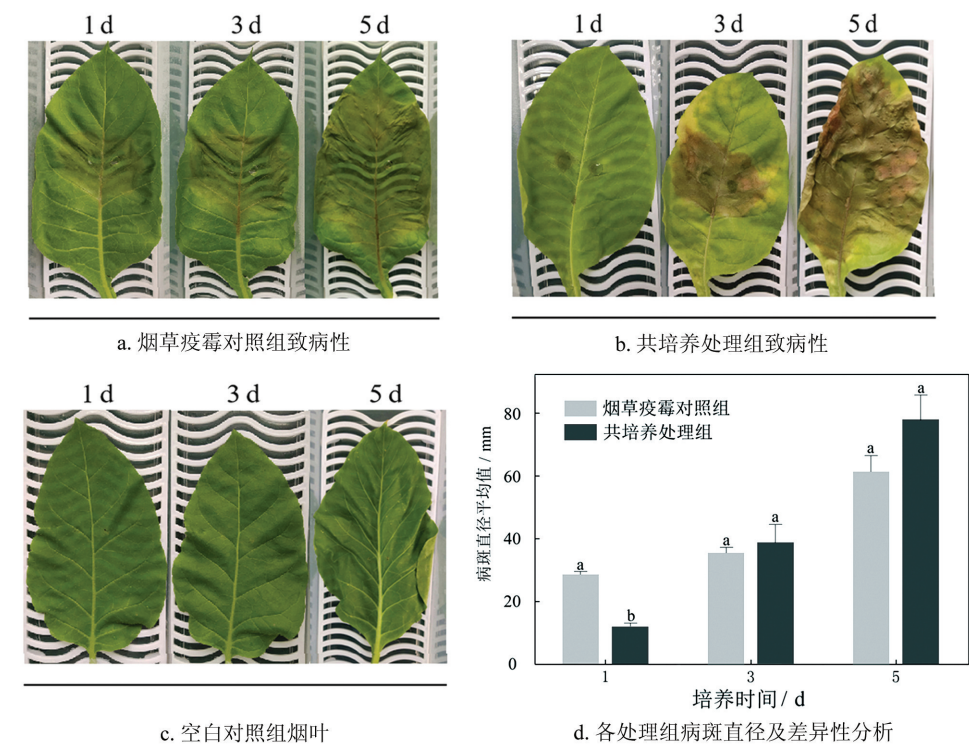
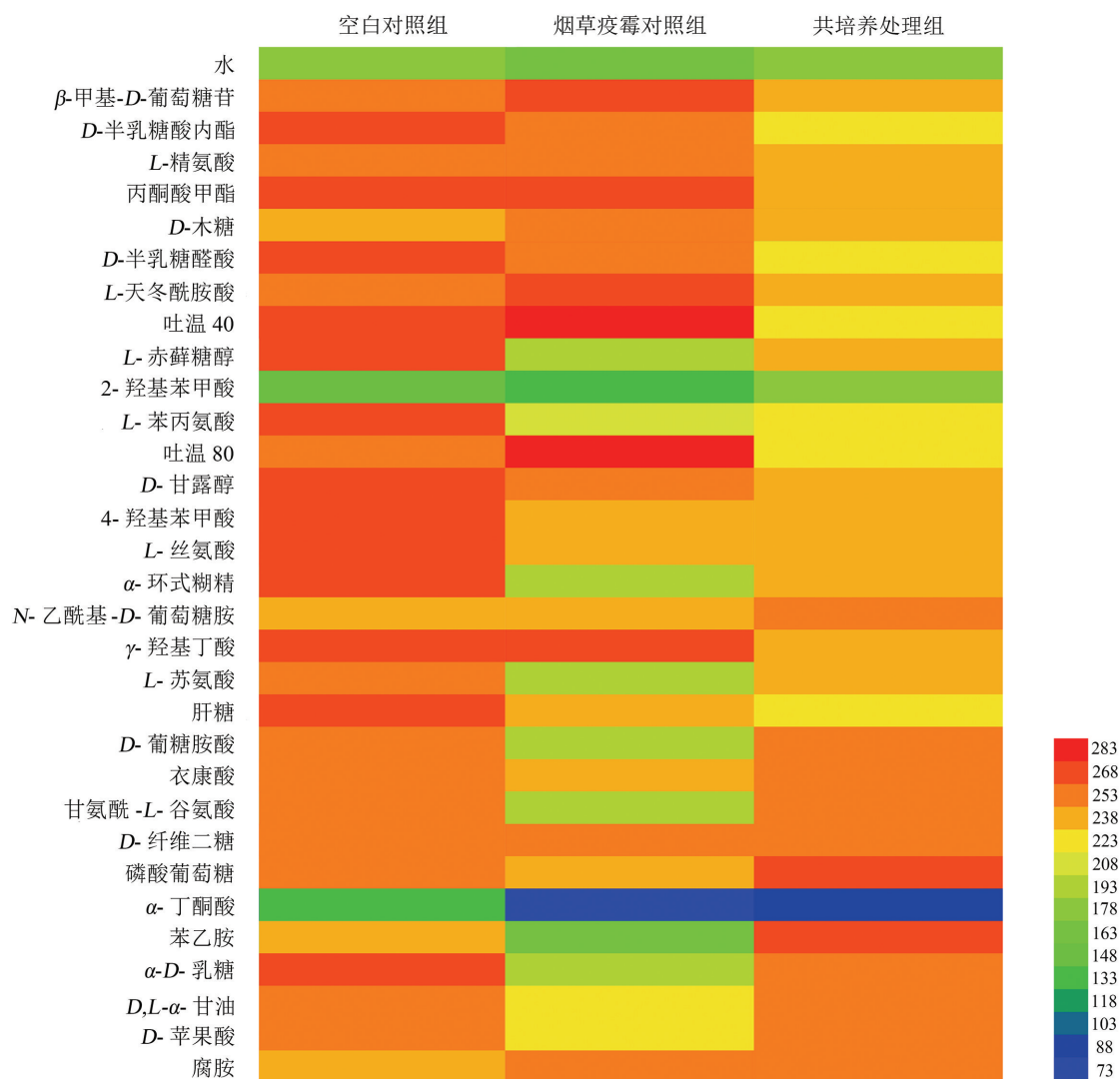


图 3 烟草疫霉及其与茄科劳尔氏菌共培养时的致病性

烟叶病际微生物在 Biolog ECO 微平板上代谢表型如图 4 所示, 31 种碳源均能被各处理组的烟叶病际微生物代谢, 其中普遍代谢程度较高的有 β -甲基-D-葡萄糖苷、L-精氨酸、L-天冬酰胺酸、D-甘露醇、L-丝氨酸、N-乙酰基-D-葡萄糖胺、 γ -羟基丁酸等 14 种碳源。

在空白对照组和烟草疫霉对照组中, 空白对照组的叶际微生物对 D-半乳糖酸内酯、L-赤藓糖醇、4-羟基苯甲酸、L-苯丙氨酸、L-丝氨酸、甘氨酸-L-谷氨酸、 α -D-乳糖等 24 种碳源的利用率比烟草疫霉对照组高, 二者对 α -丁酮酸和 2-羟基苯甲酸的利用程度均较低。

共培养处理组病际微生物对 31 种碳源的整体利用率低于空白对照组, 其中氨基酸、羧酸类碳源受到的抑制最明显, 仅对磷酸葡萄糖和苯乙胺的利用程度高于空白对照组。共培养处理组能高效代谢磷酸葡萄糖、甘氨酸-L-谷氨酸、 α -D-乳糖、D-苹果酸、腐胺等 13 种碳源, 代谢程度稍低的碳源有 L-赤藓糖醇、L-苯丙氨酸、 α -环式糊精、L-天冬酰胺酸等 16 种碳源, 对 2-羟基苯甲酸、 α -丁酮酸的利用率最低。



颜色值 < 150 以下为代谢程度低, 150 ~ 250 为代谢程度一般, > 250 为代谢程度高。

图 4 烟草病际微生物在 Biolog ECO 板上的代谢特征

3 结论与讨论

烟草疫霉与茄科劳尔氏菌共培养时,菌丝生长速率加快,孢子囊数量与烟草疫霉对照组存在显著差异,可以正常产生休止孢,这一现象可能与病原菌争夺营养物质有关。共培养处理组病斑直径在发病后期与烟草疫霉对照组间不存在显著差异,但病斑四周黄化程度加重,病斑中心穿孔,病叶边缘反卷,表明共培养一定程度上增强了烟草疫霉的致病性。

Biolog ECO 碳源代谢结果可以准确反映样本中微生物群落的代谢情况^[21]。空白对照组对大多数碳源代谢水平高,如 *L*-精氨酸、*D*-半乳糖酸内酯、*L*-赤藓糖醇、4-羟基苯甲酸等,其中糖类、氨基酸类容易被微生物所利用^[22]。共培养处理组烟叶病际微生物对 *D*-半乳糖醛酸、*L*-苯丙氨酸、 α -丁酮酸^[23]等多种碳源的代谢受到抑制,其中 *D*-半乳糖醛是 2-酮-3-脱氧-6-磷酸葡萄糖酸(KDPG)途径和糖醛酸途径中的关键中间产物,其代谢受抑制可能表明共培养条件下烟叶病际微生物的糖代谢途径存在异常。*N*-乙酰基 *D*-葡萄糖胺是细菌细胞壁的组分之一,共培养处理组对其代谢程度最高,表明该处理组烟叶的病际细菌群落增殖能力更好。

烟草疫霉能代谢 PM1、PM2 微平板上 74% 的供试碳源^[24],包括琥珀酸、*D*-半乳糖、*L*-天冬氨酸、*L*-脯氨酸、*D*-海藻糖、*D*-山梨糖、*D*-葡萄糖醛酸、*D*-葡萄糖酸、乳酸等。在 Biolog ECO 微平板中,烟草疫霉对照组的烟叶病际微生物可高效代谢 β -甲基 *D*-葡萄糖苷、*L*-精氨酸、丙酮酸甲酯、*D*-木糖、*L*-天冬酰胺酸、 γ -羟基丁酸等部分碳源,这种代谢偏好可能受烟草叶际优势菌群影响,导致感烟草黑胫病烟叶在代谢不同碳源底物时与烟草疫霉偏好不同。与刘亭亭等^[25]的研究结果相似,本研究中各处理组烟叶叶际微生物对多数氨基酸和糖类碳源代谢强度较高,仅对 2-羟基苯甲酸、 α -丁酮酸的代谢率低。此外,各处理组代谢水平较低的碳源,如 2-羟基苯甲酸、*L*-赤藓糖醇、*D*-葡萄糖胺酸、 α -丁酮酸与向立刚等^[26]研究中感黑胫病烟株茎秆微生物不能代谢的碳源一致,各处理组对 *D*-甘露醇、磷酸葡萄糖的代谢水平与其研究结果不同,这可能与烟秆和烟叶病际微生物群落中高丰度真细菌群落的组成差异有关。

烟草黑胫病在田间生产中发病较早,随后烟草青枯病快速爆发并与其混合发病,基于本文结果推测,土壤中残留的茄科劳尔氏菌会刺激烟草疫霉菌丝生长、产孢,并增强其致病性,一定程度上提前了病害爆发时间。本文关于烟草疫霉与茄科劳尔氏菌共培养后的烟叶病际微生物碳源代谢结果丰富了烟草疫霉碳代谢组学内容,文中对两病原菌共培养时生物学特性的研究结果为后续防控提供了理论基础。

参考文献:

- [1] BITTNER R J, MILA A L. Effects of Oxathiapiprolin on *Phytophthora nicotianae*, the Causal Agent of Black Shank of Tobacco[J]. Crop Protection, 2016, 81: 57-64.
- [2] GALLUP C A, MCCORKLE K L, IVORS K L, et al. Characterization of the Black Shank Pathogen, *Phytophthora nicotianae*, across North Carolina Tobacco Production Areas[J]. Plant Disease, 2018, 102(6): 1108-1114.
- [3] 刘烈花. 4 种生防菌对烟草黑胫病的防治作用[J]. 植物医生, 2018, 31(4): 42-44.
- [4] 王新, 吴新儒, 王卫锋, 等. 烟草抗青枯病突变体的室内接种鉴定[J]. 分子植物育种, 2018, 16(19): 6468-6475.
- [5] LI Y, FENG J, LIU H, et al. Genetic Diversity and Pathogenicity of *Ralstonia solanacearum* Causing Tobacco Bacterial Wilt in China[J]. Plant Disease, 2016, 100(7): 1288-1296.

- [6] JIANG G F, WEI Z, XU J, et al. Bacterial Wilt in China: History, Current Status, and Future Perspectives [J]. *Frontiers in Plant Science*, 2017, 8: 1549.
- [7] 刘勇, 秦西云, 王敏, 等. 云南省烟草青枯病危害调查与病原菌分离[J]. *中国农学通报*, 2007, 23(4): 311-314.
- [8] 王静, 孔凡玉, 秦西云, 等. 短小芽孢杆菌 AR03 对烟草黑胫病菌的拮抗活性及其田间防效[J]. *中国烟草学报*, 2010, 16(5): 78-81.
- [9] 刘畅, 向立刚, 汪汉成, 等. 温度对烟草黑胫病菌致病力及代谢表型的影响[J]. *植物保护学报*, 2021, 48(3): 669-678.
- [10] 胡吉凤, 王德凤, 谷晓平, 等. 不同培养条件对烟草黑胫病菌生长和产孢的影响[J]. *广东农业科学*, 2013, 40(13): 81-84+109.
- [11] WANG H C, GUO H, CAI L, et al. Effect of Temperature on Phenotype Characterization of *Ralstonia solanacearum* from Tobacco[J]. *Canadian Journal of Plant Pathology*, 2020, 42(2): 164-181.
- [12] 汪汉成, 余婧, 蔡刘体, 等. 温度、湿度、接菌量及 pH 对烟草青枯病菌致病力的影响[J]. *中国烟草科学*, 2017, 38(5): 8-12.
- [13] PEDRAS M S C, HOSSAIN S, SNITYNSKY R B. Detoxification of Cruciferous Phytoalexins in *Botrytis Cinerea*: Spontaneous Dimerization of a Camalexin Metabolite[J]. *Phytochemistry*, 2011, 72(2-3): 199-206.
- [14] 贾夏, 董岁明, 周春娟. 微生物生态研究中 Biolog Eco 微平板培养时间对分析结果的影响[J]. *应用基础与工程科学学报*, 2013, 21(1): 10-19.
- [15] WANG M S, WANG H C, HUANG Y F, et al. Phenotypic Analysis of *Phytophthora parasitica* by Using High Throughput Phenotypic Microarray[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2015, 55(10): 1356-1363.
- [16] 陈星, 杨家伟, KOKLANNOU D S C S, 等. 新型脱甲基酶抑制剂氯氟醚菌唑对水稻恶苗病致病菌藤仓镰孢菌的抑菌活性[J]. *农药学报*, 2024, 26(1): 69-76.
- [17] 张成省. 烟草根系分泌物介导的黑胫病抗性机制研究[D]. 北京: 中国农业科学院, 2020.
- [18] 郑小波. 疫霉菌及其研究方法[M]. 北京: 中国农业出版社, 1997.
- [19] 宋莉莎, 司世飞, 龙友华, 等. 烟草赤星病生防芽孢杆菌的筛选鉴定及其生长条件研究[J]. *河南农业科学*, 2019, 48(1): 84-89.
- [20] 张维, 刁朝强, 李斌, 等. 复配拮抗菌 FP246 对烟草黑胫病和根际土壤微生物群落功能多样性的影响[J]. *烟草科技*, 2019, 52(7): 10-17.
- [21] 王强, 戴九兰, 吴大千, 等. 微生物生态研究中基于 BIOLOG 方法的数据分析[J]. *生态学报*, 2010, 30(3): 817-823.
- [22] BRACKIN R, ROBINSON N, LAKSHMANAN P, et al. Microbial Function in Adjacent Subtropical Forest and Agricultural Soil[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2013, 57: 68-77.
- [23] 罗飞, 穆青, 余知和, 等. 五种药剂对烟草青枯病菌的抑制活性及碳代谢的影响[J]. *农药学报*, 2023, 25(4): 870-877.
- [24] 赵晓超, 陈乾丽, 杨双剑, 等. 烟草疫霉与拮抗菌解淀粉芽孢杆菌的代谢表型差异分析[J]. *中国生物防治学报*, 2019, 35(4): 605-612.
- [25] 刘亭亭, 汪汉成, 孙美丽, 等. 波尔多液对烟草叶际微生物群落结构与代谢功能的影响[J]. *农药学报*, 2022, 24(6): 1446-1455.
- [26] 向立刚, 汪汉成, 罗飞, 等. 感染青枯病与黑胫病烟株的根际土壤、根及茎秆微生物代谢特征分析[J]. *烟草科技*, 2023, 56(3): 17-24.