

研究报告

Research Report

黄桃果实中真菌多样性时空动态变化

张丽勃^{1,2} 苏明申^{1,2} 方献平^{1,2} 李水根^{1,2} 张学英^{1,2} 周慧娟^{1,2*} 叶正文^{1,2*}

1 上海市农业科学院林木果树研究所, 上海, 201403; 2 上海市农业科学院上海市设施园艺技术重点实验室, 上海, 201403

* 通信作者, yezhengwen1300@163.com; zhouhuijuanzc@163.com

摘要 为了解不同时期黄桃果实内真菌多样性时空动态变化,本研究通过 Illumina Miseq 测序技术分别对生长期、成熟期和贮藏期的 '锦绣' 黄桃果实果皮和果肉进行 ITS rDNA 测定,分析其内生真菌多样性。结果表明,在黄桃生长期和贮藏期,果皮中真菌种类显著高于果肉;而在成熟期则相反,不同时期各样品中优势菌属含量出现一定差异:果皮在生长期以枝孢菌属和平脐疣孢属为主;成熟期平脐疣孢属优势更为明显,约占 35%;贮藏期以葡萄座腔菌属和间座壳属为主,其中葡萄座腔菌属优势更为突出,约占 67%。果肉在生长期以曲霉属较为常见,占 40%;生长期镰孢霉属占绝对优势,约占 67%;而在贮藏期主要以葡萄座腔菌属和间座壳属为主,约占 95%。本研究结果显示桃果实内生真菌多样性呈现一定的时间和空间特异性动态变化,为不同时期桃真菌病害的特异性防治工作提供一定的指导。

关键词 黄桃; Illumina Miseq 测序; 真菌多样性

Temporal and Spatial Dynamics of Fungal Diversity in Yellow Peach Fruit

Zhang Liqing^{1,2} Su Mingshen^{1,2} Fang Xianping^{1,2} Li Shuigen^{1,2} Zhang Xueying^{1,2} Zhou Huijuan^{1,2*} Ye Zhengwen^{1,2*}

1 Forest & Fruit Research Institute, Shanghai Academy of Agriculture Science, Shanghai 201403; 2 Shanghai Key Laboratory of Protected Horticultural Technology, Shanghai Academy of Agriculture Science, Shanghai, 201403

* Corresponding author, yezhengwen1300@163.com; zhouhuijuanzc@163.com

DOI: 10.5376/mpb.cn.2021.19.0017

Abstract In order to identify the temporal and spatial dynamics of fungal diversity in the rind and flesh of Jinxu yellow peach fruit at the growth, ripening and storage stages, the fungal rRNA gene ITS region was sequenced by Illumina Miseq high-throughput sequencing technology. The results showed more fungal species were detected in rind than those in flesh at both growth and storage stage. In contrast, at the ripening stage, more fungal species were detected in flesh than those in rind. The dominant fungal genus varies at the different stages. In rind, the dominant fungal genus was *Cladosporium* and *Zasmidium* in rind at the growth stage, *Zasmidium* (accounting for 35%) at the ripening stage, *Botryosphaeria* (accounting for 67%) and *Diaporthe* at the storage stage. In flesh, the dominant fungal genus was *Aspergillus* (accounting for 40%) at the growth stage, *Fusarium* (accounting for 67%) at the ripening stage, *Botryosphaeria* and *Diaporthe* (accounting for 95%) at the storage stage. The fungal community composition and diversity showed dynamic changes at different stages. The study laid the foundation for the development of yellow peach postharvest fruit decay. Collectively, this study showed

本文首次发表在《分子与植物育种》上, 现依据版权所有人授权的许可协议, 采用 Creative Commons Attribution License, 协议对其进行授权, 再次发表与传播

收稿日期: 2021 年 5 月 6 日; 接受日期: 2021 年 5 月 6 日; 发表日期: 2021 年 5 月 13 日

引用格式: 张丽勃, 苏明申, 方献平, 李水根, 张学英, 周慧娟, 叶正文, 2021, 黄桃果实中真菌多样性时空动态变化, 分子植物育种 (网络版), 19(17): 1-7 (doi: 10.5376/mpb.cn.2021.19.0017) (Zhang L.Q., Su M.S., Fang X.P., Li S.G., Zhang X.Y., Zhou H.J., and Ye Z.W., 2021, Temporal and Spatial Dynamics of Fungal Diversity in Yellow Peach Fruit, Fengzi Zhiwu Yuzhong (Molecular Plant Breeding (online)), 19(17): 1-7 (doi: 10.5376/mpb.cn.2021.19.0017))

the temporal and spatial dynamics of fungal diversity in peach fruit, which provided the guidance for specific control of peach fungal diseases in different periods.

Keywords Yellow peach; Illumina Miseq sequencing; Fungal diversity

桃(*Prunus persica* (L.) Batsch)为蔷薇科(Rosaceae)李属(*Prunus* L.)植物,是世界第三大落叶果树,具有重要的经济价值 (Verde et al., 2013)。中国是桃原产地,也是世界最大的生产国,年产量达 1.43×10^{10} kg。“锦绣”黄桃(*Prunus persica* L.)是上海市农业科学院林果所杂交育成的鲜食与加工兼用的优良晚熟桃品种。果皮与果肉均为金黄色、肉质鲜美,深受消费者喜爱(余意等, 2015)。

桃是一种典型的呼吸跃变型果实,果实成熟期通常在 6~8 月,后熟迅速,耐贮性较差,在采收期及运输和贮藏期间果实腐烂现象十分普遍 (肖烟云等, 2014)。目前一些研究表明,引起桃果实在采后期间腐烂的主要因素是真菌病害。真菌病害引起的桃腐烂轻者腐烂率为 10%~30%,重者甚至高达 50% (肖烟云等, 2014)。引起桃腐烂的真菌包括链核盘菌属(*Monilinia*)、灰霉属(*Botrytis*)、枝孢菌属(*Cladosporium*)、链格孢属(*Alternaria*)、曲霉属(*Aspergillus*)、镰孢霉属(*Fusarium*)等 (Mari et al., 2016; Zhang et al., 2019)。造成桃果实采后病害的真菌侵染分为两种类型,采前侵染(潜伏侵染)和采后侵染。采前侵染的病原菌(特别是子囊菌)能够在果实上潜伏,通常在果实成熟期间由潜伏期转变为侵染期 (Prins et al., 2000)。采后侵染的病原菌主要通过物理或生理性损伤的伤口进行侵染(傅敏, 2016)。

此外,植物体内还存着大量的内生真菌,且多数与寄主有很强的互惠共生关系(Busby et al., 2016)。除此之外,植物与内生真菌的互作会根据内生真菌及寄主植物基因型、环境条件和寄主植物体内生群落等生物因素和非生物因素从共生向致病转变 (Hardoim et al., 2015)。

目前在桃采后病害的防治过程中,化学防治(杀菌剂)仍旧是一种高效且被广泛应用的防治方法。但是,某些杀菌剂具有毒理学风险,例如对人体健康和造成环境污染,且随着果园中杀菌剂使用量的增加,已导致一些病原真菌产生了抗药性 (Busby et al., 2016)。最近,生物防治正逐步用于处理采后桃果实腐烂的方法,但在桃果上应用的案例比较少 (Lopez-Reyes et al., 2013)。目前国内关于导致桃采后病害的病原真菌种类鉴定的报道也十分有限。在桃果实发育成熟及采收后进行贮藏的过程中,其体内

真菌的种类和数量如何发生变化,有哪些病原菌会共同侵染,以及在共同侵染过程中的菌群组成情况如何。为明确以上问题,本文以“锦绣”黄桃为研究对象,对其在生长、成熟和贮藏期间真菌的种类进行了研究和比较,为指导桃采后病害的发生规律及防治提供科学依据。

1 结果与分析

1.1 测序深度及测序质量评估

对有效数据的数目、各样品的片段平均长度和碱基错误识别的概率 0.1% (Q30)等参数进行分析(表 1)。所有样品 Q30 均在 97%以上,满足后续分析的要求。样品片段平均序列长度在 219~250 bp 之间。

通过稀释曲线明确样本中物种的丰富度和测序数据量是否合理。4 个样品的稀释曲线在测序深度为 2000 reads 时趋于饱和,反映了不同样品中的物种多样性(图 1)。6 个样品(P1, P2, P3, R1, R2 和 R3)原始序列经优化处理后,共得到 528 029 条高质量序列片段,123 501 796 个碱基。

1.2 样品中 OTU 分析和物种注释

分类学分析结果表明:6 个不同样品共鉴定得出真菌 8 个门,24 个纲,50 个目,87 个科,137 个属。各样品(P1, P2, P3 和 R1, R2, R3)聚类到的 OTU 数目分别为 105、116、127 和 75、156、103。表明在黄桃生长

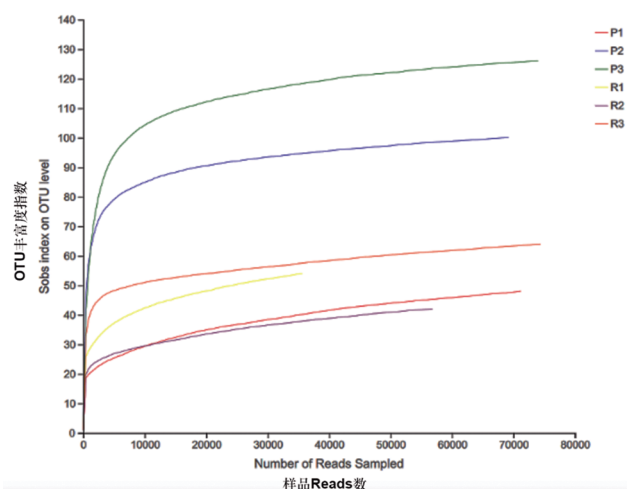


图 1 测序样品稀释曲线(OTU 水平 Sob 指数)

Figure 1 Rarefaction curve of sequencing samples (Sob index of OTU level)

表 1 测序数据预处理统计和质量分析

Table 1 Sequencing data preprocessing statistics and quality analysis

样品名称	有效读长	序列平均长度	序列平均长度	Q20	Q30
Sample name	Valid reads	Mean length	Mean length		
P1	71 194	238	238	98.85	97.70
P2	69 440	226	226	99.16	98.52
P3	71 342	229	229	99.78	99.49
R1	55 986	231	231	99.71	99.35
R2	69 793	219	219	99.80	99.54
R3	74 813	250	250	98.78	97.63

期和贮藏期,果皮中真菌种类显著高于果肉;而在成熟期则相反。

1.3 物种分布情况

物种注释分析结果表明:各样品中多数序列可注释到目水平,其中 40%以上的序列可注释到属水平。在目的分类水平上,煤炱目(Capnodiales)和格孢腔菌目(Pleosporales)在果皮生长期(P1)和成熟期(P2)占比均超过 60%,为丰富度最大的目。在贮藏期果皮(P3)中,葡萄座腔菌目(Botryosphaeriales)丰富度最大,在样品中占比超过 65%。生长期果肉样品 R1 中,散囊菌目(Eurotiales)为丰富度最大的目,在样品中约占 35%;成熟期果肉样品 R2 中,肉座菌目(Hypocreales)为丰富度最大的目,在样品中占比超过 65%,贮藏期果肉样品 R3 中,葡萄座腔菌目(Botryosphaeriales)和间座壳菌目(Diaporthe)为丰富度最大的目,在样品中占比超过 90%(图 2)。在属分类水平上,随着果实成熟,果皮中真菌种类丰富程度也增加,生长期(P1)以枝孢菌属(*Cladosporium*)和平脐疣孢属(*Zasmidium*)为主;在成熟期(P2)平脐疣孢属优势更为明显,贮藏期(P3)贮藏期以葡萄座腔菌属(*Botryosphaeria*)和间座壳属(*Diaporthe*)为主,其中葡萄座腔菌属优势更为突出约占 67%。果肉中真菌种类丰富度较果皮中较低,在生长期(R1)主要为曲霉属(*Aspergillus*),约占所有种类的 40%,成熟期镰孢霉属占绝对优势,贮藏期主要为葡萄座腔菌属和间座壳属占比超过所有种类的 90%(图 3)。

1.4 样品中真菌的丰度聚类分析

对 OTU 统计分析后,从分类和样品之间的差异两个层面,对含量相对较多的物种进行属水平的丰度聚类分析,获得不同时期黄桃果皮和果肉中丰度排名前 35 的属(图 4)。生长期果皮(P1)中特异性积累的真菌有平脐疣孢属、枝孢属、柱隔孢属(*Ramularia*)、

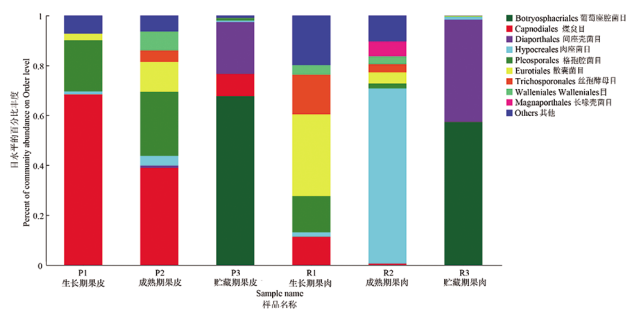


图 2 不同样品目水平的相对丰度(前 10)

Figure 2 The relative abundance of different samples at the order level (top 10)

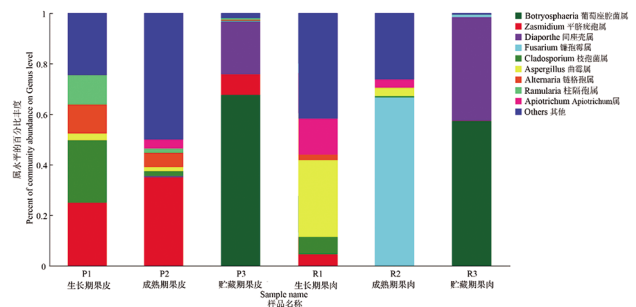


图 3 不同样品属水平的相对丰度(前 10)

Figure 3 The relative abundance of different samples at the genus level (top 10)

链格孢属、尾孢属(*Cercospora*)、曲霉属、线黑粉酵母属(*Filobasidium*)和附球菌属(*Epicoccum*)等;这些种类真菌中,枝孢属、链格孢属、曲霉属、尾孢属和附球菌属真菌为常见的、重要的植物病原真菌;平脐疣孢属为常见的煤污病病原物;柱隔孢属也是一种植物病原真菌,主要感染水仙、棉花和草莓等。成熟期果皮(P2)中特异性积累的真菌有平脐疣孢属、枝孢属、柱隔孢属、链格孢属、曲霉属、*Ophiosphaerella*、节担菌属(*Wallemia*)和篮状菌属(*Talaromyces*)等;其中,节担菌属为煤污病病原物,篮状菌属为一种常见土壤真菌。成熟期的黄桃果实经过贮藏后,果实外观形态未

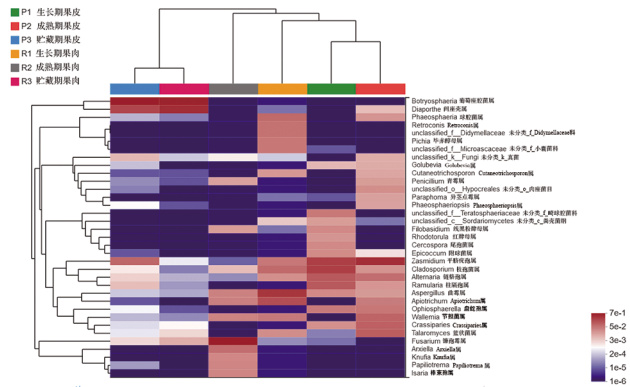


图4 属水平各个样品的相对丰度热图
Figure 4 The relative abundance heatmap of different samples at the genus level (top 35)

见明显变化。果皮 (P3) 中特异性积累的真菌包括葡萄座腔菌属、间座壳属、平脐疣孢属、柱隔孢属和链格孢属等。其中葡萄座腔菌属和间座壳属真菌均为常见的、重要的植物病原真菌。

在生长期果肉 (R1) 中特异性积累的真菌包括曲霉属、枝孢属、毕赤酵母属 (*Pichia*)、暗球腔菌属 (*Phaeosphaeria*)、*Retroconis*、和链格孢属等。*Retroconis* 是一种内生真菌。暗球腔菌属真菌为常见的、重要的植物病原菌。在成熟期果肉 (R2) 中特异性积累的真菌包括镰孢霉属、曲霉属、*Axiella* 和 *Papiliotrema* 等；其中，*Axiella* 属真菌为一种植物病原菌，*Papiliotrema* 为一种酵母属真菌。随着果实衰老，在贮藏期果肉 (R3) 中特异性积累的真菌主要为葡萄座腔菌属、间座壳属和镰刀霉属等。这三种病害均为桃采后病害的病原物，造成贮藏期桃果实腐烂。其中葡萄座腔菌属和间座壳属能够以植物病原菌、内生菌或者腐生菌的方式存在于植物体中。随着果实成熟与衰老，常见病原菌类群如葡萄座腔菌属、镰孢霉属和间座壳属真菌的丰度逐渐增高。

1.5 样品中属分类水平上真菌的动态分析

高通量测序结果显示黄桃果实中真菌多样性时空动态变化，因此对常见的 7 种真菌 (镰孢霉属，平脐疣孢属，曲霉属，枝孢菌属，链格孢属，间座壳属和葡萄座腔菌属) 在属水平的相对含量变化进行统计，结果显示：平脐疣孢属真菌从生长期到成熟期在果皮中累积，间座壳属和葡萄孢属真菌在贮藏期果皮及果肉中累积 (图 5)。

2 讨论

本研究运用高通量测序技术对“锦绣”黄桃果实

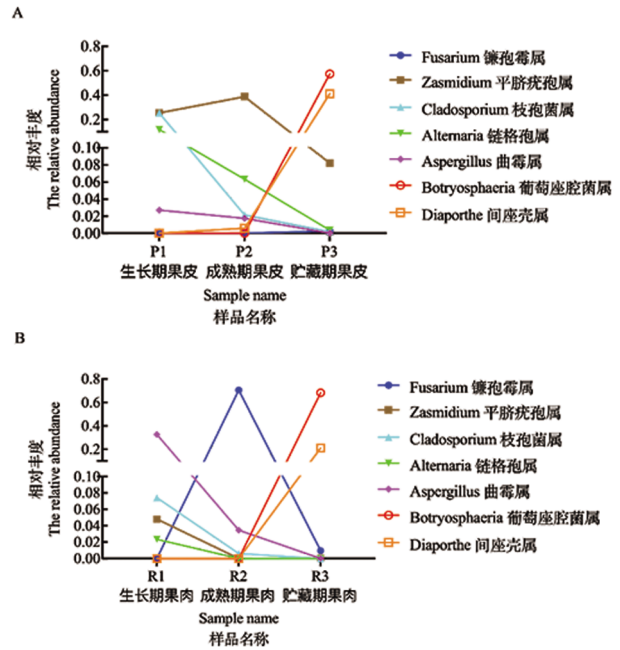


图5 属水平 7 种真菌的相对丰度
Figure 5 The relative abundance of seven fungus at genera classification level

中真菌多样性进行时空动态变化分析。测序数据经质控处理后，3 个样本共得到 528 029 条高质量序列片段，共检测到 210 个 OTUs。OTU 分析和注释结果表明，果皮中真菌种类含量在生长期和贮藏期时明显高于果肉，而在成熟期，果肉中真菌种类含量则高于果皮。

通过对各样品属分类水平上真菌的相对丰度及动态分析发现，在果皮中，平脐疣孢属的真菌数量随着果实成熟而逐渐升高。平脐疣孢属的真菌可以引起煤污病。煤污病是一种常见的植物病害，多在温暖潮湿环境发生，寄主广泛，可侵染包括苹果、梨、香蕉、芒果、李子等经济作物的果实 (陈晨, 2016)。引起该病的病原菌虽然只定殖于寄主表面，不侵入植物组织内部，但其能够依靠菌丝、子实体及其它一些结构在寄主表面形成深色污斑等，对鲜食水果的美观和销售价值造成了严重影响 (Gleason et al., 2011)。中国目前苹果上报道较多，危害严重时造成果园发病率高达 100%，造成的损失达 50% (陈晨, 2016)。2019-2020 年，上海地区黄桃煤污病较为严重，导致果实品质降低，给果农带来了一定的经济损失。推测由于近两年雨水较往年偏多，利于病原菌繁殖和传播，平脐疣孢属真菌疑为诱发上海地区黄桃煤污病发生的重要原因。

在成熟期果肉中，镰孢霉属真菌得到特异性积累。2018 年，福建省宁德市首次报道了层出镰孢菌

(*F. proliferatum*)为引起桃果腐病的新病原菌,且当地的桃果实受害率已达 20% (Xie et al., 2018);2019年,湖南省首次发现了腐皮镰刀菌(*F. solani*)能够侵染桃引起桃果腐病,发病果园中有约 50%的果实受到侵染 (Zhu et al., 2019);2020 年本研究团队在上海首次报道了 *F. incarnatum-equiseti* Species Complex 真菌为引起桃果腐病的一种新病原菌,在上海果园发病率达到 20% (Zhang et al., 2020)。此前,中国有关镰孢霉属真菌侵染桃果实并致其腐烂的报道十分有限。由本次试验结果结合以上报道表明,镰刀属真菌对南方地区桃生产存在潜在威胁,易造成严重危害,应采取适当的防治策略来控制其传播。

在贮藏期果皮和果肉中,葡萄座腔菌属和间座壳属真菌均得到特异性积累。葡萄座腔菌属多数真菌都具有内寄生性,它们既可作为病原菌侵染植物发病,也可以作为内生真菌在寄主植物组织中潜伏。葡萄座腔菌属真菌能够侵染桃树枝干引起桃流胶病,造成枝干枯死,树势衰弱等,限制桃产业的发展 (Beckman et al., 2003)。该病在中国长江流域及其以南桃产区尤为严重。Rittenburg 和 Henrix (1983)首次报道了葡萄座腔菌属真菌能够侵染桃果实引起桃腐烂病。该报道认为桃果实和枝条摩擦产生的伤口可能是葡萄座腔菌属真菌侵染桃果实的重要入口。近年来上海地区桃流胶病发生严重,葡萄座腔菌属真菌可以在为害枝干上越冬,且可存活 4~5 年,而上海 6~7 月的梅雨天气尤其适合该病的侵染及传播,推测此为果皮和果肉中该类真菌在成熟期特异积累的原因。另外,间座壳属真菌也是一类重要的植物内生菌和腐生菌,寄主广泛,包括大豆、葡萄、向日葵和柑橘等,能够引起植物枝干和果实腐烂、坏死等症状 (Krohl et al., 2017)。近年来,在世界范围的桃果园内,由间座壳属真菌引起的病害日益严重 (Dissanayake et al., 2017)。Dissanayake 等(2017)首次详细报道了从中国桃树上分离到的间座壳属真菌的种类,其中 *D. eres* 为优势种。间座壳属侵染桃果实症状表现为病斑呈圆形,棕褐色至棕色,扩张迅速,病变中心常出现白色菌丝团 (KO and Sun, 2003)。

目前中国对病害防治的最有效管理策略是采用桃果实套袋技术,应用在果品保鲜中。而对采后病害防治主要依靠人工合成的杀菌剂。但是目前,由于化学残留、病原菌产生的抗药性及果实套袋的成本等问题,已开始促使人们开发更安全、更有效的替代方法。在 OTU 分析和注释结果中也检测到桃果实的一些内生真菌,如线黑粉酵母属、毕赤酵母属和篮状菌

属真菌等,可作为防治桃果实真菌病害的潜在生防菌株,如篮状菌属内生真菌 ZJ-4 目前已通过试验证明对桃采后病害具有一定的抑制作用 (侯旭等, 2018)。线黑粉酵母菌可产生多种胞外酶,对于微生物胞外酶的研究,可有助于病害控制及生态环境平衡 (刘欢等, 2019)。

本研究通过采用高通量测序技术对“锦绣”黄桃生长期、成熟期和贮藏期的果皮和果肉中的真菌群落进行分析,证实了不同时期桃果实内生真菌呈现一定的时间和空间特异性,镰刀属真菌目前已对南方地区桃生产构成潜在威胁,应引起足够重视。桃树生长期应加强由葡萄座腔菌属和间座壳属引起的桃流胶病和桃枝枯病的防治,以避免其对桃果实的潜伏侵染。本研究为桃果实成熟期进行有效的综合防治提供了一定基础,并为桃果实采后真菌病害的防治工作提供一定的指导。

3 材料与方法

3.1 试验材料

供试材料锦绣黄桃 (*Prunus persica* L.), 定植于上海市农业科学院庄行试验站,常规管理。取样时间分别为 2020 年 7 月 16 日 (果实黄绿色)、8 月 10 日 (果面全黄),分别标记为生长期 (果实膨大期) 和成熟期样品。8 月 10 日采获的样品冷库 3 ± 1 °C 贮藏 20 d,作为贮藏期样品。黄桃果实先用无菌水冲洗干净,后用 75% 乙醇溶液对桃果实进行擦洗消毒处理,无菌水冲洗 3 次后分离果肉和果皮, -80 °C 保存。生长期、成熟期和贮藏期的果皮样品分别标记为 P1、P2 和 P3,果肉样品分别标记为 R1、R2 和 R3,每组样品设置 3 个重复。

3.2 基于 Illumina MiSeq 测序平台对黄桃果实样品 ITS 序列测定

黄桃果实和果肉的 DNA 提取采用植物基因组提取试剂盒 (Omega Bio-tek) 进行提取,琼脂糖凝胶电泳和 DNA 浓度和纯度检测合格后委托上海美吉生物医药科技有限公司进行样品内生真菌多样性分析。多样性分析首先以各样品的基因组 DNA 为模板,使用 ITS1 区引物 ITS-1F-F (5'-CTTGGTCATTTAGAGGAAGTAA-3') 和 ITS-1F-R (5'-GCTGCGTTC TTCATCGATGC-3') 进行 PCR 扩增。扩增产物回收进行检测定量,并进行 Miseq 文库构建,使用 MiSeq (上海美吉生物医药科技有限公司) 进行上机测序 (Caporaso et al., 2012; Degnan and Ochman, 2012)。

3.3 测序数据处理及数据量丰度分析

使用 fastp (Chen et al., 2018) (version 0.20.0) 软件对原始测序序列进行质控, 使用 FLASH (Mago? and Salzberg, 2011) (version 1.2.7) 软件进行拼接, 同时对序列质量进行质控和过滤, 最终得到有效数据。通过稀释性曲线判定测序数据量是否合理, 并比较不同的样本中物种的丰富度。

3.4 物种注释与评估

对优化序列提取非重复序列, 便于降低分析中间过程冗余计算量。去除非重复单序列。使用 UPARSE 软件 (<http://drive5.com/uparse/>, version 7.1), 根据 97% 的相似度对序列进行 OTU (Operational Taxonomic Units) 聚类并剔除嵌合体 (Edgar, 2013)。得到 OTU 的代表序列。利用 RDP classifier (<http://rdp.cme.msu.edu/>, version 2.2), 对每条序列进行物种分类注释 (阈值 0.7), 比对 Unite (Release 6.0 <http://unite.ut.ee/index.php>) 的真菌数据库 (K?ljalg et al., 2013)。将分类后的结果按照不同的分类水平进行统计分析。

3.5 真菌群落组成分析

根据 3.4 注释结果, 分别选取目和属前 10 种真菌, 利用 R 语言工具包进行群落柱形图分析, 选取丰度排名前 35 的物种在每个样品中的丰度相似性进行聚类绘制热图。

作者贡献

张丽勃是本研究的实验设计者和实验研究的执行人, 完成数据分析, 论文初稿的写作; 苏明申、方献平和李水根参与实验设计和样品采集; 张学英负责指导数据分析, 叶正文和周慧娟是项目的构思者及负责人, 指导实验设计、数据分析、论文写作与修改。全体作者都阅读并同意最终的文本。

致谢

本研究由上海市科技兴农重点攻关项目不同肉质类型桃果实采后贮运技术研发与应用 (18391901600) 和国家桃产业技术体系 (CARS-30-5-01) 共同资助。

参考文献

Beckman T.G., Pusey P.L., and Bertrand P.F., 2003, Impact of Fungal Gummosis on Peach Trees, *HortScience*, 38 (6): 1141-1143.
Busby P.E., Ridout M., and Newcombe G., 2016, Fungal endo-

phytes: modifiers of plant disease, *Plant molecular biology*, 90(6): 645-655.
Caporaso J.G., Lauber C.L., Walters W.A., Berg-Lyons D., Huntley J., Fierer N., Owens S.M., Betley J, Fraser L, Bauer M, Gormley N, Gilbert J.A., Smith G., and Knight R., 2012, Ultra-high-throughput microbial community analysis on the Illumina HiSeq and MiSeq platforms, *ISME Journal*, 6 (8): 1621-1624.
Chen C., 2016, Taxonomy of Peltaster, Trichomerium, and Related Genera associated with sooty blotch and flyspeck. Dissertation for Ph.D., Northwest Agriculture & Forestry University, Supervisor: Sun G.Y., pp.12-14. (陈晨, 2016, 月盾霉属、多臂菌属等煤污病相关属真菌分类研究, 博士学位论文, 西北农林科技大学, 导师: 孙广宇, pp.12-14.)
Chen S., Zhou Y., Chen Y., and Gu J., 2018, fastp: an ultra-fast all-in-one FASTQ preprocessor, *Bioinformatics*. 34 (17): i884-i890.
Degnan P.H., and Ochman H., 2012, Illumina-based analysis of microbial community diversity, *ISME Journal*, 6 (1): 183-194.
Dissanayake A.J., Zhang W., Liu M., Hyde K.D., Zhao W.S., Li X.H., and Yan J.Y., 2017, Diaporthe species associated with peach tree dieback in Hubei, China, *Mycosphere*, 8 (5): 533-549.
Edgar R.C., 2013, UPARSE: highly accurate OTU sequences from microbial amplicon reads, *Nature Methods*, 10 (10): 996-998.
Fu M., 2016, Colletotrichum species associated with anthracnose of Pyrus spp. in China and interactions between Colletotrichum fructicola and host pear, Dissertation for Ph.D., Wuhan: Huazhong Agricultural University Supervisors: Wang G.P., pp.15. (傅敏, 2016, 中国梨炭疽病原种类多样性及果生刺盘孢与梨寄主的互作研究, 博士学位论文, 华中农业大学, 导师: 王国平, pp.15-16.)
Gleason M.L., Batzer J.C., Sun G, Zhang R., Arias M.M.D., Sutton T. B., and Oertel B., 2011, A new view of sooty blotch and flyspeck, *Plant Disease*, 95(4): 368-383.
Hardoim P.R., Van Overbeek, L.S., Berg G., Pirttil? A.M., Compant S., Campisano A., D?ring M., and Sessitsch A., 2015, The hidden world within plants: ecological and evolutionary considerations for defining functioning of microbial endophytes, *Microbiology and Molecular Biology Reviews*, 79 (3): 293-320.
Hou X., Guan W., Hu X., Yuan X., Zhang G.Q., Liu Y.P., 2018, Isolation and identification of endophytic fungus ZJ-4 from peach roots and its inhibitory effect against Monilinia fructicola, *Journal of Microbiology*, 38(02): 63-69. (侯旭, 关伟, 胡晓, 袁雪, 张国庆, 刘悦萍, 2018, 桃树根部内生真菌 ZJ-4 的分离鉴定及其对桃褐腐病的抑制效果, 微生物学

- 杂志, 38(02): 63-69.)
- K?ljalg U., Nilsson R.H., Abarenkov K., Tedersoo L., Taylor A. F., Bahram M., and Larsson K.H., 2013, Towards a unified paradigm for sequence - based identification of fungi. Towards a unified paradigm for sequence - based identification of fungi, *Molecular ecology*, 22(21): 5271-5277.
- KO Y., and Sun S.K., 2003, Phomopsis fruit rot of subtropical peach in Taiwan, *Plant Pathology Bulletin*, 12(3): 212-214.
- Król E.D., Abramczyk B.A., Zalewska E.D., and Zimowska B., 2017, Fungi inhabiting fruit tree shoots with special reference to the *Diaporthe* (*Phomopsis*) genus, *Peach*, 16 (4): 113-126.
- Liu H, Zhang Y, Wang C, Sun Y.F., and Lei Y.H., 2019, Community structure analysis of yeast attached to flat peach leaves in Xinjiang, *Shengyai Kexue* (Ecological Science), 38(4): 29-34. (刘欢, 张媛, 王翀, 孙燕飞, 雷勇辉, 2019, 新疆蟠桃叶附生酵母种群结构分析, *生态科学*, 38(04): 29-34.)
- Lopez-Reyes J.G., Spadaro D., Prella A., Garibaldi A, and Gullino M.L., 2013, Efficacy of plant essential oils on postharvest control of rots caused by fungi on different stone fruits in vivo, *Journal of food protection*, 76(4): 631-639.
- Mago? T., and Salzberg S.L., 2011, FLASH: fast length adjustment of short reads to improve genome assemblies, *Bioinformatics*, 27(21): 2957-2963.
- Mari M., Bautista-banos S., and Sivakumar D., 2016, Decay control in the postharvest system: Role of microbial and plant volatile organic compounds, *Postharvest Biology and Technology*, 122(1): 70-81.
- Prins T.W., Tudzynski P., von Tiedemann A., Tudzynski B., Ten Have A., Hansen M.E., Tenberge K., and van Kan, J.A., eds., 2000, Infection strategies of *Botrytis cinerea* and related necrotrophic pathogens. In *Fungal pathology* Springer, Dordrecht, Netherlands, pp.33-64.
- Rittenburg L.H., and Henrix F.F.J., 1983, Peach fruit rots caused by *Botryosphaeria* spp. and *Glomerella cingulate*, *Plant Disease*, 67(4): 449-450.
- Verde I., Abbott A.G., Scalabrin S., Jung S., Shu S., Marroni F., and Rokhsar D.S., 2013, The high-quality draft genome of peach (*Prunus persica*) identifies unique patterns of genetic diversity, domestication and genome evolution, *Nature genetics*, 45(5): 487-494.
- Xiao Y., Zhang T.T., Lin L.S., Chen Y.H., and Lin H.T., 2014, Advances in the Studies on Post-harvest Physiology and Post-harvest Disease of Chinese Peach Fruit, *Packaging and Food Machinery*, 32 (3): 45-51. (肖烟云, 张婷婷, 林丽莎, 陈艺晖, 林河通, 2014, 中国桃果实采后生理和病害研究进展, *包装与食品机械*, 32(3):45-51.)
- Xie S.H., Zhang C., Chen M.S., Wei Z.P., Jiang Y.B., Lin X., and Zheng Y.Q., 2018, *Fusarium proliferatum*: A new pathogen causing fruit rot of peach in Ningde, China, *Plant disease*, 102(9): 1858-1858.
- Yu Y., Zhang X., Zhang L.P., Gao Z.S., and Jia H.J., 2015, Effect of both harvest maturities and storage temperatures on fruit quality of 'Jinxiu' yellow peach, *Shipin Gongye Keji* (Science and Technology of Food Industry), 2015, 36 (4): 334-338. (余意, 张鑫, 张丽平, 高中山, 贾惠娟, 2015, 采收成熟度和贮藏温度对锦绣黄桃完熟品质的影响, *食品工业科技*, 2015, 36(4): 334-338.)
- Zhang S., Zheng Q., Xu B., and Liu J., 2019, Identification of the fungal pathogens of postharvest disease on peach fruits and the control mechanisms of *Bacillus subtilis* JK-14, *Toxins*, 11(6): 322-322.
- Zhu J.Z., Li C.X., Zhang C.J., Wang Y., Li X.G., and Zhong J., 2019, *Fusarium solani* causing fruit rot of peach (*Prunus persica*) in Hunan, China, *Crop Protection*, 122(1): 171-174.
- Zhang L.Q., Su M.S., Zhou J.Y., Zhao T., Du J.H., Li X.W., and Ye, Z.W., 2020, First Report of *Fusarium incarnatum-equiseti* Species Complex Causing Fruit Rot of Peach (*Prunus persica*) in China, *Plant Disease*, 104(6): 1872-1872.