

河西绿洲灌区连作玉米根际土壤真菌群落结构特征

常 浩¹, 李文学¹, 徐志鹏¹, 栾倩倩¹, 周 琦¹, 马金慧¹, 任淑锦²,
汪亮芳¹, 吴之涛¹, 杨克泽¹, 周彦芳¹, 任宝仓¹

(1. 甘肃省农业工程技术研究院/甘肃省玉米病虫害绿色防控工程研究中心/武威市玉米病虫害绿色防控技术创新中心, 甘肃 武威 733006;

2. 甘肃农业大学植物保护学院, 兰州 730070)

摘 要: 为探究连作对玉米根际土壤真菌群落特征的影响, 采用高通量测序技术分析轮作 1 年和连作 5 年、11 年、25 年和 50 年的玉米根际土壤真菌群落结构特征。结果表明, 子囊菌门(Ascomycota)、被孢霉门(Mortierellomycota)、球囊菌门(Glomeromycota)和担子菌门(Basidiomycota)4 个门为真菌优势类群, 占有真菌的 90% 左右。在属分类水平下镰孢菌属(*Fusarium*)在连作 11 年的玉米根际土壤中丰度最高, 为 56%; 在连作 5 年的玉米根际土壤中丰度最低, 为 6%。不同连作年限下玉米根际土壤中的主要功能真菌依次为植物病原/腐生/共生过渡型菌(Pathogen-Saprotroph-Symbiotroph)、腐生/共生过渡型菌(Saprotroph-Symbiotroph)、植物病原菌/腐生菌过渡型(Pathotroph-Saprotroph)、腐生菌(Saprotrophs)、共生菌(Symbiotroph)、植物病原菌(Pathotroph)和植物病原菌/腐生菌过渡型(Pathotroph-Saprotroph), 连作 50 年的玉米根际土壤中的功能真菌丰度最低, 连作 5 年的根际土壤中功能真菌丰度最高。

关键词: 玉米; 连作; 根际土壤; 真菌

中图分类号: S435.131

文献标识码: A

Fungal Community Structure of Maize Rhizosphere Soil under Continuous Cropping in Hexi Oasis Irrigation Area

CHANG Hao¹, LI Wen-xue¹, XU Zhi-peng¹, LUAN Qian-qian¹, ZHOU Qi¹, MA Jin-hui¹, REN Shu-jin²,
WANG Liang-fang¹, WU Zhi-tao¹, YANG Ke-ze¹, ZHOU Yan-fang¹, REN Bao-cang¹

(1. Gansu Academy of Agri-engineering Technology, Gansu Green Prevention and Control Engineering Research Center of Maize Diseases and Insect Pests, Wuwei Green Maize Pest and Disease Control Technology Innovation Center, Wuwei 733006; 2. College of Plant Protection, Gansu Agricultural University, Lanzhou 730070, China)

Abstract: To investigate the effects of continuous cropping on the characteristics of fungal community in maize rhizosphere soil, high-throughput sequencing technology was used to analyze the characteristics of fungal community structure in maize rhizosphere soil after 1 year of rotation and 5, 11, 25, and 50 years of continuous cropping. The results showed that four phyla, Ascomycota, Mortierellomycota, Glomeromycota and Basidiomycota, were the dominant groups of fungi, accounting for about 90% of all fungi. At the genus classification level, *Fusarium* has the highest abundance of 56% in the maize rhizosphere soil after 11 years of continuous cropping, and the lowest abundance of 6% in the maize rhizosphere soil after 5 years of continuous cropping. The main functional fungi in maize rhizosphere soil under different continuous cropping years were as follows: pathogen-saprotroph, Saprotrophs, Symbiotroph, Pathotroph and pathotroph-saprotroph. The abundance of functional fungi in maize rhizosphere soil of continuous cropping for 50 years was the lowest, the abundance of functional fungi in the rhizosphere soil of maize was the highest after 5 years of continuous cropping.

Key words: Maize; Continuous cropping; Rhizosphere soil; Fungi

录用日期: 2022-06-27

基金项目: 甘肃省陇原青年创新创业人才项目(2021LQGR07)、甘肃省科技计划项目(18YF1NA011)、甘肃省玉米产业技术体系项目(GARS-02-03)、甘肃省自然科学基金项目(20JR5RA074)、甘肃省农业工程技术研究院院创青年基金项目(GNG2022QN02)

作者简介: 常 浩(1990-), 助理研究员, 主要从事寄主与病原物互作研究。E-mail: 763944674@qq.com

任宝仓为本文通信作者。E-mail: 463573198@qq.com

甘肃河西地区河西走廊土地辽阔,光照充足,灌溉便利,昼夜温差大,天然隔离条件好,是我国主要制种基地,常年制种面积达6万~7万hm²,年产种子占全国玉米用种量近50%,玉米制种已成为促进当地农业增效、农民增收的主导产业^[1]。随着制种面积的稳定,导致玉米连作年限越来越长,有些地方连作年限已经过了50年,长期连作导致土壤理化性质恶化、养分缺失、微生物酶活性降低,有害病菌污染源不断积累,成为玉米制种生产中的主要障碍因子。目前报道的作物连作障碍因子主要是土壤微生物种群结构的失衡,导致作物减产和土壤质量下降等^[2~5]。对于连作导致微生物种群结构的变化,有研究表明,随连作年限增加,土壤中细菌减少,真菌增加,放线菌减少^[6,7];也有细菌、放线菌和真菌均减少,且真菌不是连作障碍的主要因子之一的报道^[8]。肖占文等研究发现,玉米制种产量及其母本农艺和产量性状随连作年限的延长呈递减、降低趋势^[9]。邢会琴等研究发现,玉米连作后土壤真菌数量随连作年限的增加而增加^[10]。王磊等认为,连作土壤处理对玉米发芽率产生抑制作用而且严重抑制玉米幼苗期的生长,且随连作年限的增加,抑制作用

越明显,土传病虫害是影响连作障碍的因素之一^[11]。土壤微生物群落结构直接影响土壤生产力,研究土壤微生物群落结构对改良土壤、提高土壤生产力、防控土传病害具有重要意义。如何从微生物群落结构入手改善和调控土壤微生物群落,增加土壤抗逆、抗病能力对当地农业生产和环境保护具有重要意义。目前我国有关玉米连作障碍的研究报道较少,对其连作障碍的原因尚不清楚。本研究利用高通量测序方法对不同连作年限下玉米根际土壤真菌群落进行分析研究,为防治和减轻玉米连作障碍提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 试验地概况

试验地位于张掖市甘州区兴隆村(东经100°14′48.66″,北纬39°9′43.78″),属大陆性气候,气候特点是干燥少雨,年平均气温6℃,年降水量平均131 mm,当地海拔1 395 m,玉米种植地土壤为沙土,土层深厚,土质均匀。不同连作年限地的土壤理化性质详见表1。

表1 试验地土壤理化性质
Table 1 Main physical and chemical properties of soil at sampling sites

样点 Sampling site	水解性氮(mg/kg) N	有效磷(mg/kg) P	速效钾(mg/kg) K	有机质(g/kg) Organic matter	pH值 pH value
连作50年(AA)	46.10	13.56	81.67	13.14	8.65
连作5年(BB)	45.87	12.92	89.67	11.59	8.58
连作25年(CC)	44.66	14.85	82.67	12.30	8.92
连作11年(DD)	44.22	28.09	94.00	12.66	8.78
轮作1年(EF)	45.97	51.86	89.33	11.41	8.46

1.2 样品采集

玉米收获后,在田间随机选取3个点,除去0~5 cm表土,抖落根系周围大块土壤后,将黏附在根系表面的土壤抖落在报纸上,装入无菌袋中,贴上标签,以冰袋降温暂存。带回实验室,储存在-80℃冰箱中,用于土壤总DNA提取。

1.3 土壤样品 Miseq 文库构建及测序分析

采用美国(MOBIOPower)DNA试剂盒完成基因组DNA抽提后,利用1%琼脂糖凝胶电泳进行DNA完整性检测,取适量的DNA于离心管中,使用无菌水稀释样品至1 ng/μL。土壤真菌ITS1-ITS2区片段的扩增选用通用引物ITS1-1737F(5'-GGAAGTAAAGTCGTAACAAGG-3')和ITS2-2043R(5'-GCT-

GCGTTCTTCATCGATGC-3')。扩增程序,95℃预变性2 min;95℃变性30 s,58℃退火30 s,72℃延伸45 s,共33个循环;72℃延伸10 min。PCR产物混合后用2%琼脂糖凝胶电泳检测,委托南京集思慧远生物科技有限公司进行后续的IlluminaMiSeq测序。

1.4 数据处理与分析

Miseq测序获得的PE reads首先根据overlap关系进行拼接,去除测序过程中产生的接头污染序列,同时去除低复杂度序列(poly A)和含有N的序列。对数据中质量值较低的序列进行过滤。符合条件的序列进行OTU聚类分析和物种分类学分析。基于OTU聚类分析结果,可以对OTU进行多样性指数分析;基于分类学信息,可以在各个分类水平上进行群

落结构的统计分析。采用SPSS 11.0 软件进行方差分析和LSD 多重比较,LEfSe 软件进行各样品的组间差异分析。

2 结果与分析

2.1 不同连作年限下玉米根际土壤真菌群落多样性特征

由图 1 可知,5 种不同连作年限下玉米根际土壤样品的稀释曲线均趋于平缓,即各样本的 OTU 覆盖度已饱和,表明玉米根际土壤的真菌数据量合理。

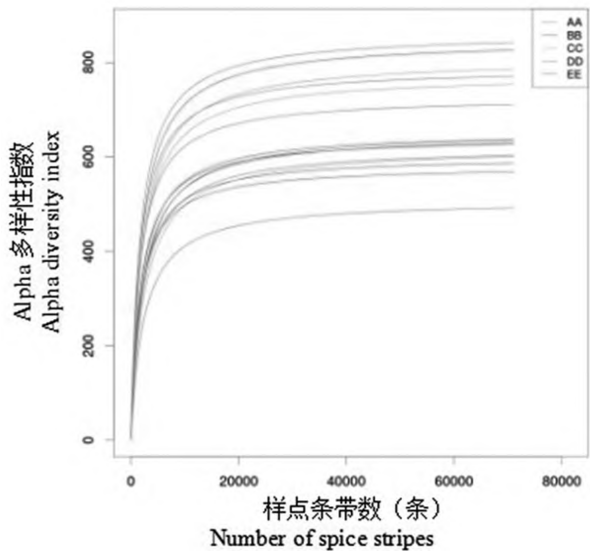


图 1 在 97%相似水平下所有土样所观察到物种数的稀释曲线
Fig.1 Rarefaction curves of the observed species at 97% similarity level for all soil samples

2.2 不同连作年限下玉米根际土壤真菌 OTU 和 α 多样性指数分析

由图 2 可知,5 种不同连作年限下玉米根际土壤中共有 OTU 数量为 87,其中,轮作 1 年和连作 5 年、11 年、25 年和 50 年各自特有的 OTU 数量分别为 210、205、248、231 和 251。具体表现为连作 50 年>连作 11 年>连作 25 年>轮作 1 年>连作 5 年。

对轮作 1 年和连作 5 年、11 年、25 年和 50 年下的玉米根际土壤样品中真菌群落进行 α 多样性分析,结果表明,在轮作 1 年的玉米根际土壤样本中真菌 Chao1 指数和 shannon 丰度最低;在连作 50 年的玉米根际土壤样本中真菌 Chao1 指数和 shannon 最高(图 3)。

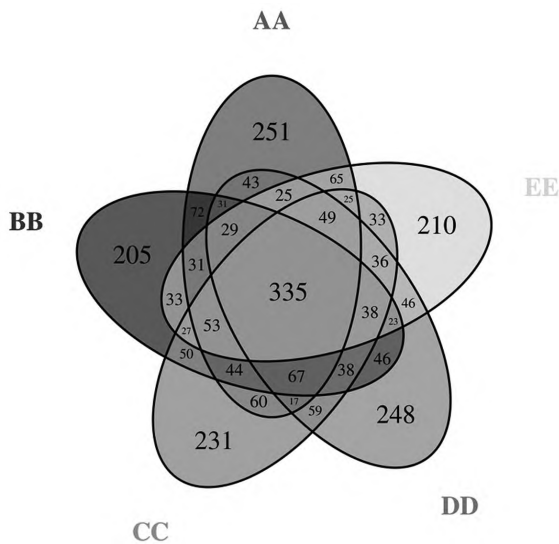


图 2 不同连作年限下玉米根际土壤细菌 Venn 图
Fig.2 Soil bacterial OTU Venn diagram of the soil in the 0–30 cm soil layer relative to tillage practice

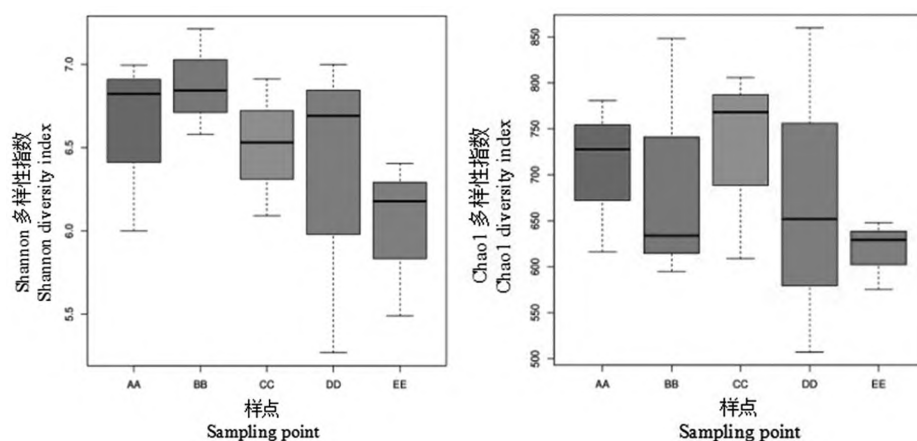


图3 玉米根际土壤真菌多样性指数的PERMANOVA/Anosim分析箱型图

Fig.3 Box diagram of PERMANOVA/Anosim analysis of fungi diversity index in maize rhizosphere soil

2.3 不同连作年限下玉米根际土壤真菌群落结构组成

通过对轮作1年和连作5年、11年、25年和50年下玉米根际土壤样品进行高通量测序,结果表明,子囊菌门(Ascomycota)、被孢霉门(Mortierellomycota)、球囊菌门(Glomeromycota)和担子菌门(Basidiomycota)等

4个门为优势类群,占有所有真菌的90%左右。除了未分类的真菌外,连作50年的玉米根际土壤样品中芽枝霉门(Blastocladiomycota)和油壶菌门(Olpidiomycota)丰度高于其他连作年限;连作5年的玉米根际土壤样品中被孢霉门(Mortierellomycota)、球囊菌门(Glomeromycota)、Calcarisporiellomycota 丰度高于其

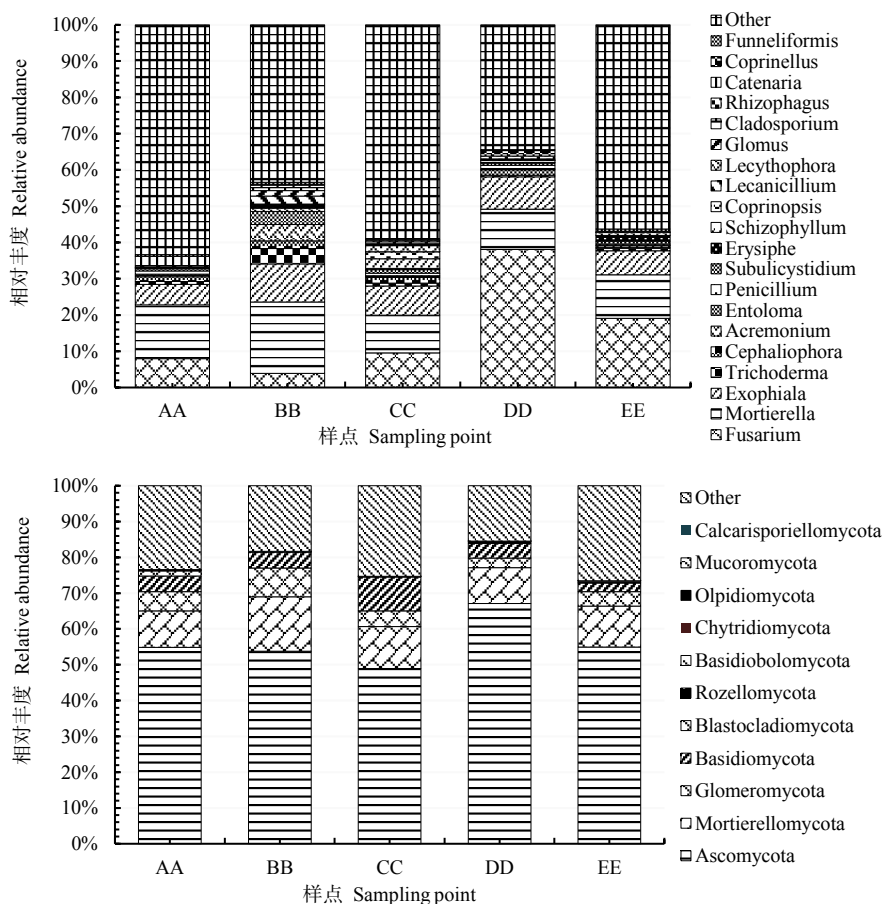


图4 不同连作年限下玉米根际土壤真菌门和属水平中物种 profiling 柱状图

Fig.4 Histogram of species profiling at phylum and genus level in maize rhizosphere soil samples under different years of continuous cropping

他连作年限,油壶菌门(Olpidiomycota)丰度低于其他连作年限;在连作25年的玉米根际土壤样品中担子菌门(Basidiomycota)丰度高于其他连作年限;在连作11年的玉米根际土壤样品中子囊菌门(Ascomycota)和罗兹菌门(Rozellomycota)丰度高于其他连作年限;在轮作1年的玉米根际土壤样品中中芽枝霉门(Blastocladiomycota)丰度高于其他连作年限(图4)。

在属分类水平下,连作11年的玉米根际土壤样品中镰孢菌属(*Fusarium*)明显高于其他连作年限,连作5年的玉米根际土壤样品中的真菌种类较丰富;

链枝菌属(*Catenaria*)仅在连作50年的玉米根际土壤样品中存在;油瓶霉属(*Lecythophora*)仅在连作25年的玉米根际土壤样品中存在;在连作50年和轮作1年的玉米根际土壤样品中未检测到裂褶菌(*Schizophyllum*)和鬼伞属(*Coprinellus*)。

LEfSe 分析显示在属分类水平上(图5),连作50年的玉米根际土壤样品中重要的真菌有红菇属(*Russula*)、链枝菌属(*Catenaria*)、多孢囊霉属(*Diversisporales*);连作5年的玉米根际土壤样品中重要的真菌有枝顶孢霉属(*Acremonium*)、球囊霉属(*Glomus*);连

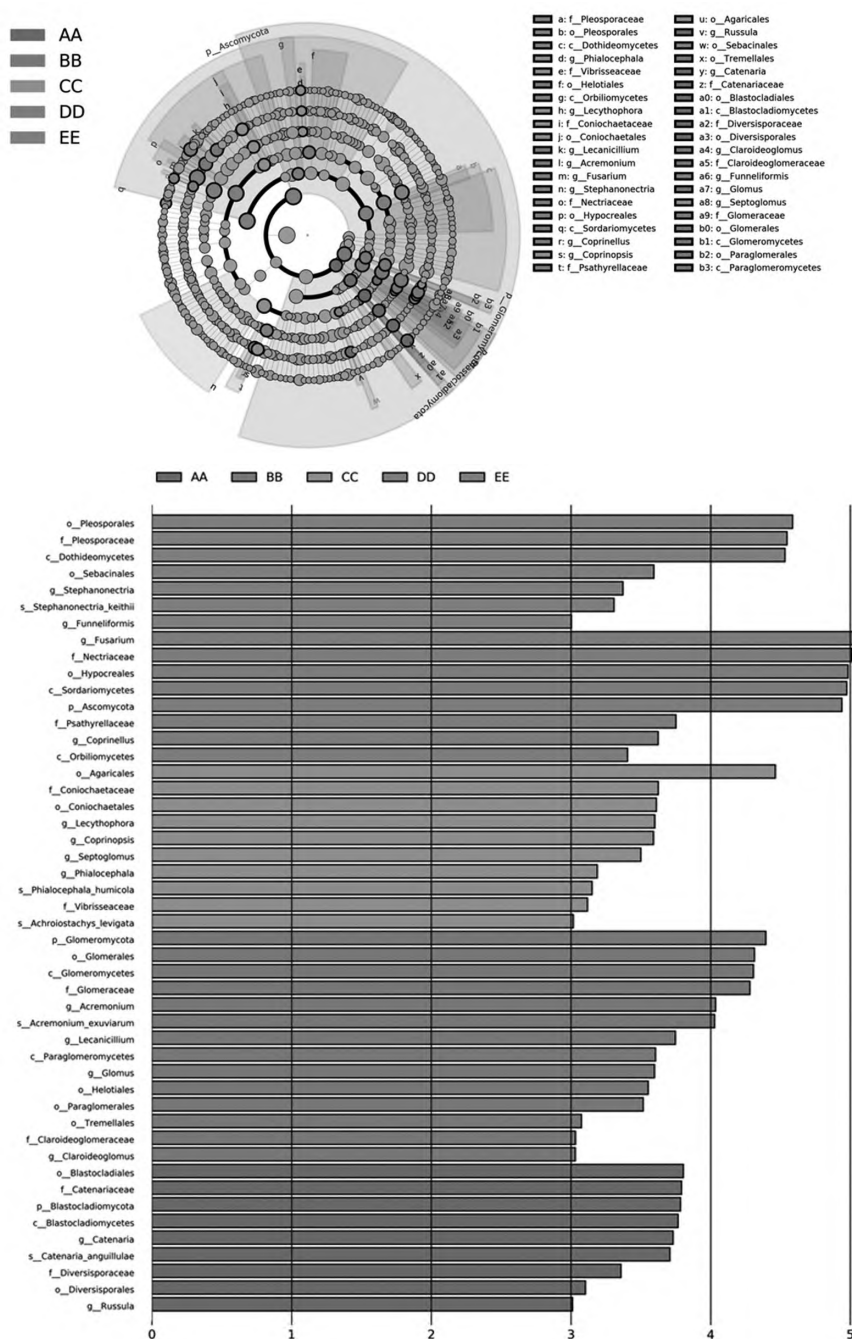


图5 LefSe 分析连作不同年限玉米根际土壤真菌组成差异

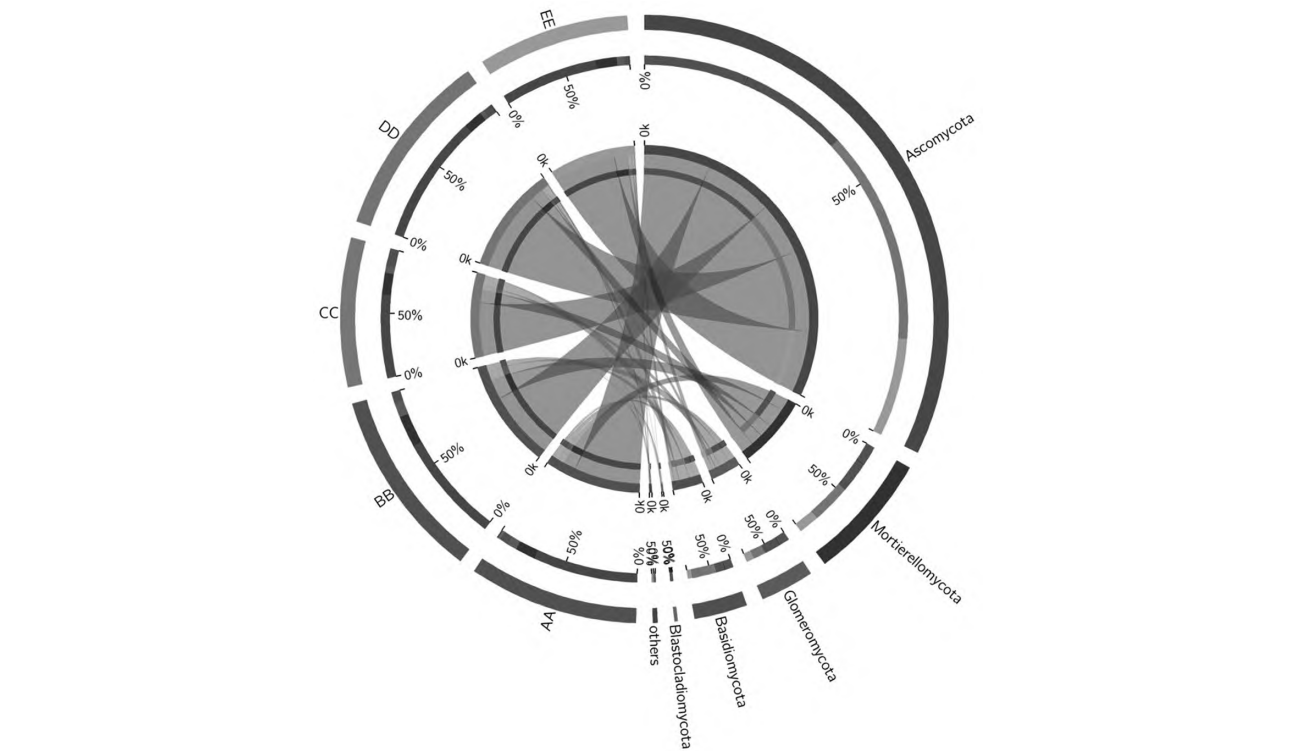
Fig.5 LefSe analysis of soil fungi composition in maize rhizosphere in different years of continuous cropping

作 25 年的玉米根际土壤样品中重要的属真菌有 *Phialocephala*、油瓶霉属(*Lecythophora*)、*Coniochaetales*、鬼伞属(*Coprinopsis*);连作 11 年的玉米根际土壤样品中重要的真菌有镰孢菌属(*Fusarium*)、鬼伞属(*Coprinopsis*);轮作 1 年的玉米根际土壤样品中重要的真菌有 *Stephanonectria*、管柄囊霉属(*Funneliformis*)。

2.4 不同连作年限玉米根际真菌组成比例及其在样本中的分布比例

轮作 1 年和连作 5 年、11 年、25 年和 50 年下玉米根际土壤样品中真菌门分类水平下前 5 的优势物种分别为子囊菌门(Ascomycota, 71.5%)、被孢霉门(Mortierellomycota, 15.0%)、球囊菌门(Glomeromycota, 6.32%)、担子菌门(Basidiomycota, 6.26%)、芽枝霉门(Blastocladiomycota, 0.36%),其中,在连作 50 年的玉米根际土壤中,子囊菌门(Ascomycota)占 71.98%,被孢霉门(Mortierellomycota)占 13.33%,球囊菌门

(Glomeromycota)占 7.13%,担子菌门(Basidiomycota)占 5.78%,芽枝霉门(Blastocladiomycota)占 1.79%;连作 5 年的玉米根际土壤中,子囊菌门(Ascomycota)占 65.95%,被孢霉门(Mortierellomycota)占 18.70%,球囊菌门(Glomeromycota)占 9.85%,担子菌门(Basidiomycota)占 5.50%;连作 25 年的玉米根际土壤中,子囊菌门(Ascomycota)占 65.45%,被孢霉门(Mortierellomycota)占 15.89%,球囊菌门(Glomeromycota)占 5.79%,担子菌门(Basidiomycota)占 12.87%;连作 11 年的玉米根际土壤中,子囊菌门(Ascomycota)占 80.34%,被孢霉门(Mortierellomycota)占 11.73%,球囊菌门(Glomeromycota)占 3.11%,担子菌门(Basidiomycota)占 4.81%;轮作 1 年的玉米根际土壤中,子囊菌门(Ascomycota)占 75.41%,被孢霉门(Mortierellomycota)占 15.76%,球囊菌门(Glomeromycota)占 5.61%,担子菌门(Basidiomycota)占 3.22%(图 6)。



注:左半圈表示样本中物种组成情况,外层代表来自哪一分组,内层代表物种,长度代表该物种在对应样本中的相对丰度;右半圈表示该分类学水平下物种在不同样本中的分布比例情况,外层不同深度颜色代表物种,内层不同深度颜色代表不同分组,长度代表该样本在某一物种中的分布比例。

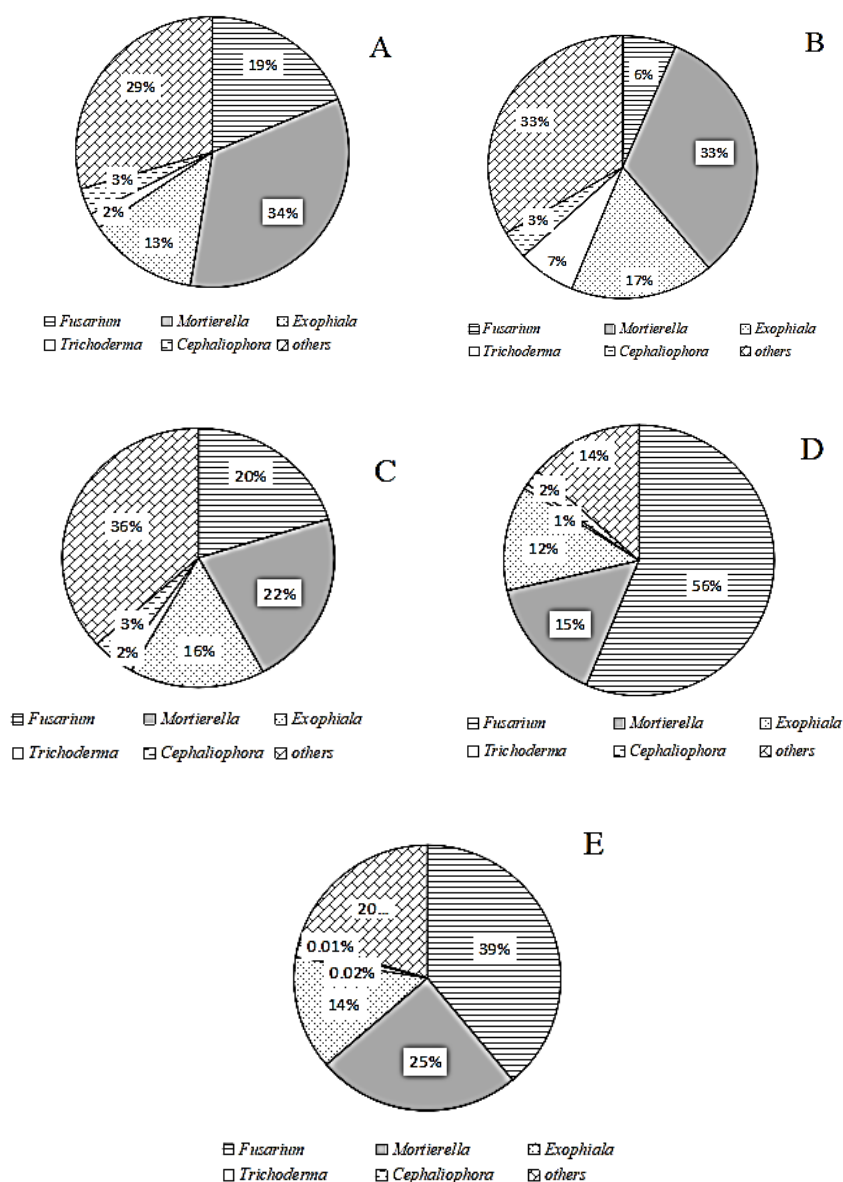
Note: The left half circle shows the species composition in the sample. The outer ribbon represents the group from which it comes, the inner ribbon represents the species, and the length represents the relative abundance of the species in the corresponding sample. The right half circle shows the distribution proportion of the species in different samples under the taxonomic level, the outer ribbon different depth colors represents the species, and the different depth colors of the inner ribbon represents different groups, the length represents the distribution proportion of the sample in a certain species.

图6 不同连作年限玉米根际土壤门水平下优势物种组成比例及其在样本中的分布比例

Fig.6 Composition and distribution of dominant species at rhizosphere soil phylum level of maize under different years of continuous cropping

轮作1年和连作5年、11年、25年和50年下玉米根际土壤样品中真菌属分类水平下前5的优势物种分别为镰孢菌属(*Fusarium*, 30.71%)、被孢霉属(*Mortierella*, 24.55%)、外瓶柄霉属(*Exophiala*, 14.48%)、木霉属(*Trichoderma*, 2.63%)、头梗霉属(*Cephalophora*, 2.50%),在连作1年的土壤中镰孢菌属(*Fusarium*)所占比例为39%,被孢霉属(*Mortierella*)所占比例为25%,外瓶柄霉属(*Exophiala*)所占比例为14%,木霉属(*Trichoderma*)所占比例为1%,头梗霉属(*Ceph-*

aliophora)所占比例为1%;在连作5年的土壤中镰孢菌属(*Fusarium*)所占比例为6%,被孢霉属(*Mortierella*)所占比例为33.0%,外瓶柄霉属(*Exophiala*)所占比例为17%,木霉属(*Trichoderma*)所占比例为11%,头梗霉属(*Cephalophora*)所占比例最多为4%;在连作11年的土壤中镰孢菌属(*Fusarium*)所占比例为56%,被孢霉属(*Mortierella*)所占比例为15%,外瓶柄霉属(*Exophiala*)所占比例为12%,木霉属(*Trichoderma*)所占比例为1%,头梗霉属(*Cephalophora*)所占比例为



注:A为连作50年土壤真菌属水平下的真菌比例图;B为连作5年土壤真菌属水平下的真菌比例图;C为连作25年土壤真菌属水平下的真菌比例图;D为连作11年土壤真菌属水平下的真菌比例图;E为轮作1年土壤真菌属水平下的真菌比例图。

Note: A, Soil fungal ratio map at the genus level of continuous cropping for 50 years; B, Soil fungal ratio map at the genus level of continuous cropping for 5 years; C, Soil fungal ratio map at the genus level of continuous cropping for 25 years; D, Soil fungal ratio map at the genus level of continuous cropping for 11 years; E, The fungal ratio map of soil fungi at the genus level in 1 year rotation.

图7 不同连作年限下玉米根际土壤中属水平下优势真菌所占比例图

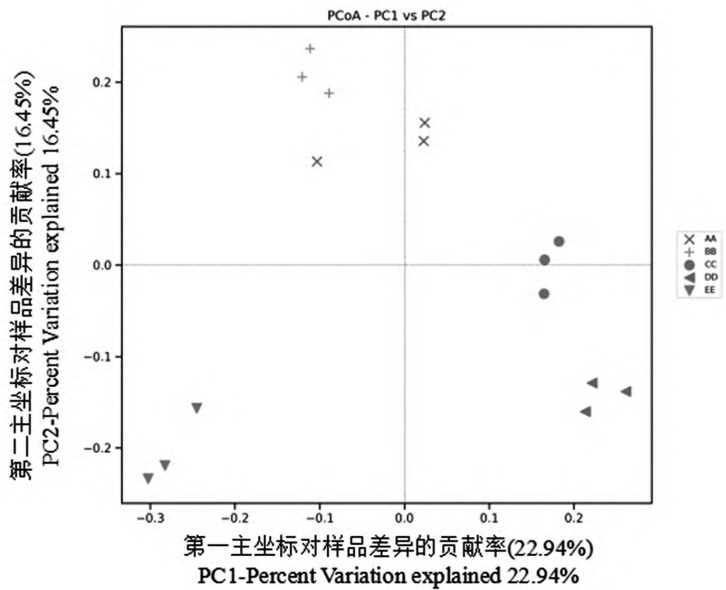
Fig.7 Proportion of dominant fungi at genus level in maize rhizosphere soil under different years of continuous cropping

1%;在连作25年的土壤中镰孢菌属(*Fusarium*)所占比例为20%,被孢霉属(*Mortierella*)所占比例为22%,木霉属(*Trichoderma*)所占比例为2%,头梗霉属(*Cephalophora*)所占比例为4%;在连作50年的土壤中镰孢菌属(*Fusarium*)所占比例为19%,被孢霉属(*Mortierella*)所占比例为34%,外瓶柄霉属所占比例为13%,木霉属(*Trichoderma*)所占比例为2%,头梗霉属(*Cephalophora*)所占比例为3%(图7)。

2.5 不同连作年限玉米根际土壤真菌群落及影响力

明确样本中物种的整体构成后,即可进行不同样本间的对比。PCoA分析即主坐标分析,是一种非

约束性的数据降维分析方法,可用来研究不同样本之间群落组成的相似性或差异性,图中不同形状的点表示来源于不同样本,两个样本点越接近,表明两个样本物种组成越相似。图8中主成分PC1和主成分PC2的样品差异性贡献率分别为22.94%和16.45%,合计达39.39%,是差异的主要来源。以这2个主成分为坐标轴构建的二维坐标系中,不同连作年限玉米根际土壤样品中没有重叠部分,样本距离较远,说明轮作1年和连作5年、11年、25年和50年下的玉米根际土壤样品中的真菌群落组成不相似,说明连作可影响玉米根际土壤的真菌组成(图8)。



注:横坐标表示第一主坐标,百分比表示第一主坐标对样品差异的贡献率;纵坐标表示第二主坐标,百分比表示第二主坐标对样品差异的贡献率。图中点分别表示各个样品。不同形状代表样品属于不同分组。

Note: The abscissa represents the first principal coordinate, and the percentage represents the contribution rate of the first principal coordinate to the sample difference; The ordinate represents the second principal coordinate, and the percentage represents the contribution rate of the second principal coordinate to the sample difference. The midpoint in the figure represents each sample. Different shape indicate that the samples belong to different groups.

图8 不同处理玉米根际土壤微生物群落的主成分分析

Fig.8 Principal component analysis of maize rhizosphere soil microbial community under different treatments

2.6 不同连作年限对玉米根际土壤功能真菌的影响

采用FUNGuild对不同连作年限真菌群落进行功能预测,结果表明,植物病原/腐生/共生过渡型菌(Pathogen-Saprotroph-Symbiotroph)是主要功能类群,占28.18%;其次为腐生/共生过渡型菌(Saprotroph-Symbiotroph),约占23.39%;植物病原菌/腐生菌过渡型(Pathotroph-Saprotroph)约占19.56%,腐生菌(Saprotrophs)约占15.04%,共生菌(Symbiotroph)占10.66%,植物病原菌(Pathotroph),约占2.9%,植物病原菌/腐生菌过渡型(Pathotroph-Saprotroph)约占0.26%。轮

作1年和连作5年、11年、25年和50年下玉米根际土壤中真菌功能类群的相对丰度不同,连作11年根际土壤中植物病原/腐生/共生过渡型菌(Pathogen-Saprotroph-Symbiotroph)的相对丰度(42.79%)明显高于其他连作年限,连作5年土壤中腐生/共生过渡型菌(Saprotroph-Symbiotroph)、植物病原菌(Pathotroph)和共生菌(Symbiotroph)的相对丰度较高。连作50年的玉米根际土壤中的真菌丰度最低,连作5年的根际土壤中真菌丰度最高,当连作年限超过25年后玉米根际土壤中的功能真菌丰度逐渐趋于稳定,随着连作年限的增加不会发生变化(图9)。

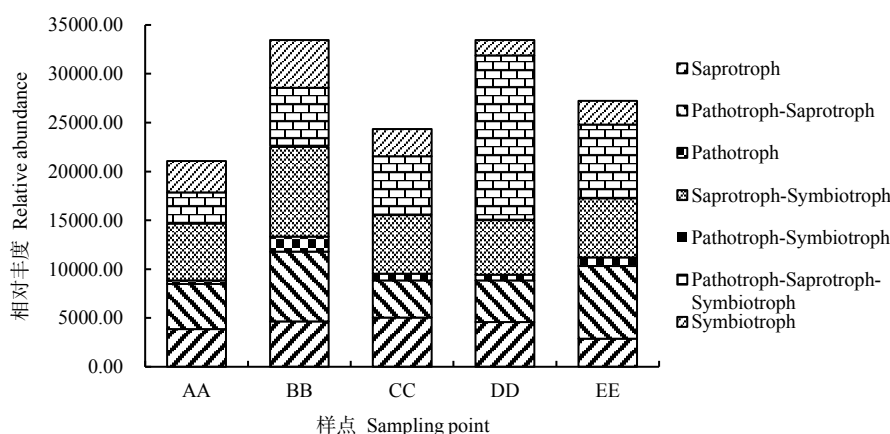


图9 不同连作年限玉米根际真菌菌群功能组成与丰度

Fig.9 Functional composition and abundance of maize rhizosphere fungi in different continuous cropping years

3 结论与讨论

本研究中亚囊菌门(Ascomycota)、被孢霉门(Mortierellomycota)、球囊菌门(Glomeromycota)、担子菌门(Basidiomycota)为轮作1年和连作5年、11年、25年和50年下玉米根际土壤样品的真菌优势类群^[12]。大量研究表明,微生物多样性会受到连作时间的影响,随着连作年限的增加,土壤微生物群落结构的变化会扰乱土壤微生态的平衡,更严重会导致植物死亡^[13]。本研究中,随着连作年限的增加,子囊菌门(Ascomycota)的丰度先上升后下降。Schoch等研究表明,子囊菌门在根际土壤有机物的降解中起着重要作用^[14],据此推测子囊菌门可能与土壤有机质降解水平及土壤肥力下降有关。被孢霉门(Mortierellomycota)、球囊菌门(Glomeromycota)的相对丰度随着连作年限的延长逐渐降低^[15,16]。

植物生长与土壤中各种微生物的生理活动密切相关^[17]。真菌在土壤环境中起着重要作用,同时也是引起农作物病害主要病原菌的来源^[18],其中镰刀菌属是土传病害中主要的病原菌属。本研究发现,在轮作1年和连作5年、11年、25年和50年下玉米根际土壤样品中真菌属分类水平下前5的优势物种为镰孢菌属(*Fusarium*)、被孢霉属(*Mortierella*)、外瓶柄霉属(*Exophiala*)、木霉属(*Trichoderma*)、头梗霉属(*Cephalophora*)。被孢霉属(*Mortierella*)随着连作年限的增加逐渐降低,其具有在土壤中释放有机酸以溶解土壤磷和显著提高磷酸酶活性的能力^[19],通过提供氮营养和提高植物的抗病性促进植物生长,可能与植物的糖代谢有关^[20]。镰孢菌属(*Fusarium*)是玉米多种病害的主要致病菌,本研究中发现,其丰度随着连作年限的增加先上升后下降。轮作1年和连

作5年、11年、25年和50年下玉米根际土壤样品真菌功能类群的相对丰度不同,其中连作50年的玉米根际土壤样品中的各功能真菌丰度最低,连作5年的玉米根际土壤样品中各功能真菌丰度最高且均衡,连作5年后随着连作年限的延长玉米根际土壤样品中的各功能真菌丰度不断减少,表明玉米的短期连作对土壤中的有益微生物构成影响较小^[21]。土壤微生物群落的组成主要是由土壤本身的性质以及耕作方式、作物种类和管理模式等因素决定。近年来,不少研究认为,同一种作物连作后,可使某些特定的微生物种群得到富集,特别是植物病原真菌。因此,单一作物的连作不利于土壤中微生物种群的平衡,而有利于植物根部病害的发生,使产量逐年降低^[22]。这一现象与生产中随着种植面积扩大,导致许多真菌病害发生严重的状况相吻合^[23-26]。

参考文献:

- [1] 肖占文,闫吉治,王多成,等. 河西走廊玉米制种产业现状分析及可持续发展对策[J]. 中国种业, 2006(6): 9-10.
XIAO Z W, YAN J Z, WANG D C, et al. Present situation analysis and sustainable development countermeasure of maize seed industry in Hexi Corridor[J]. China Seed Industry, 2006(6): 9-10. (in Chinese)
- [2] 吴凤芝,王 伟,栾非时. 土壤灭菌对大棚连作黄瓜生长发育影响[J]. 北方园艺, 1999(5): 49.
WU F Z, WANG W, LUAN F S. Effects of soil sterilization on cucumber growth and development in greenhouse continuous cropping [J]. Northern Horticulture, 1999(5): 49. (in Chinese)
- [3] 马云华,魏 珉,王秀峰. 日光温室连作黄瓜根区微生物区系及酶活性的变化[J]. 应用生态学报, 2004(6): 1005-1008.
MA Y H, WEI M, WANG X F. Variation of microflora and enzyme activity in continuous cropping cucumber soil in solar greenhouse[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2004(6): 1005-1008. (in Chinese)
- [4] 陈 慧,郝慧荣,熊 君,等. 地黄连作对根际微生物区系及土壤酶活性的影响[J]. 应用生态学报, 2007(12): 2755-2759.

- CHEN H, HAO H R, XIONG J, et al. Effects of successive cropping *Rehmannia glauosa* on rhizosphere soil microbial flora and enzyme activities[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2007(12): 2755–2759. (in Chinese)
- [5] 吴凤芝, 赵凤艳, 刘元英. 设施蔬菜连作障碍原因综合分析与防治措施[J]. 东北农业大学学报, 2000(3): 241–247.
- WU F Z, ZHAO F Y, LIU Y Y. On the reasons of continuous cropping obstacles in vegetable facility gardening[J]. Journal of Northeast Agricultural University, 2000(3): 241–247. (in Chinese)
- [6] 李琼芳. 不同连作年限麦冬根际微生物区系动态研究[J]. 土壤通报, 2006(3): 563–565.
- LI Q F. Dynamics of the microbial flora in the liriopie rhizosphere and out rhizosphere during continuous cropping years[J]. Chinese Journal of Soil Science, 2006(3): 563–565. (in Chinese)
- [7] 吕卫光, 余廷园, 诸海涛, 等. 黄瓜连作对土壤理化性状及生物活性的影响研究[J]. 中国生态农业学报, 2006(2): 119–121.
- LÜ W G, YU T Y, ZHU H T, et al. Effects of cucumber continuous cropping oil the soil physiochemical characters and biological activities[J]. Chinese Journal of Eco Agriculture, 2006(2): 119–121. (in Chinese)
- [8] 陈文新. 土壤环境微生物学[M]. 北京: 北京农业大学出版社, 1990.
- [9] 肖占文, 王多成, 闫吉治, 等. 不同连作年限对玉米制种产量及其农艺经济性状的影响[J]. 作物杂志, 2010(2): 107–109.
- XIAO Z W, WANG D C, YAN J Z, et al. Effect of continuous cropping on yield and agronomic and economic traits of corn seed production[J]. Crops, 2010(2): 107–109. (in Chinese)
- [10] 邢会琴, 肖占文, 闫吉智, 等. 玉米连作对土壤微生物和土壤主要养分的影响[J]. 草业科学, 201128(10): 1777–1780.
- XING H Q, XIAO Z W, YAN J Z, et al. Effects of maize continuous cropping on soil microorganisms and main soil nutrients[J]. Pratacultural Science, 2011, 28(10): 1777–1780. (in Chinese)
- [11] 王 磊, 王兰英, 朱朝华, 等. 玉米连作对其发芽率和苗期生长的影响[J]. 东北林业大学学报, 2009, 37(2): 53–55.
- WANG L, WANG L Y, ZHU C H, et al. Effects of continuous cropping on germination rate and seedling growth of maize[J]. Journal of Northeast Forestry University, 2019, 37(2): 53–55. (in Chinese)
- [12] MAZZOLA M, MANICI L M. Apple replant disease: Role of microbial ecology in cause and control[J]. Annual Review of Phytopathology, 2012, 50: 45–65.
- [13] 常玉明. 吉林省长期玉米连作土壤微生物的空间分布特征及驱动因素[D]. 长春: 吉林农业大学, 2021.
- [14] SCHOCH C L, SUNG G H, LÓPEZ-GIRÁLDEZ F, et al. The Ascomycota tree of life: A phylumwide phylogeny clarifies the origin and evolution of fundamental reproductive and ecological traits[J]. Systematic Biology, 2009, 58(2): 224–239.
- [15] 宋秀丽, 吴舒婷, 李锦辉, 等. 土壤微生物群落对连作种植制度的响应[J]. 玉米科学, 2022, 30(1): 172–181.
- SONG X L, WU S T, LI J H, et al. Response of soil microbial community to continuous cropping system[J]. Journal of Maize Sciences, 2022, 30(1): 172–181. (in Chinese)
- [16] OLDROYD G E D. Speak, friend, and enter: Signalling systems that promote beneficial symbiotic associations in plants[J]. Nature Reviews Microbiology, 2013, 11(4): 252–263.
- [17] GOMES N C M, FAGBOLA O, COSTA R, et al. Dynamics of fungal communities in bulk and maize rhizosphere soil in the tropics[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2003, 69(7): 3758–3766.
- [18] ZHANG H S, WU X H, LI G, et al. Interactions between arbuscular mycorrhizal fungi and phosphate-solubilizing fungus(*Mortierella* sp.) and their effects on *Kosteletzkya virginica* growth and enzyme activities of rhizosphere and bulk soils at different salinities[J]. Biology and Fertility of Soils, 2011, 47(5): 543–554.
- [19] LIAO X G, FANG W G, LIN L C, et al. *Metarhizium robertsii* produces an extracellular invertase(MrINV) that plays a pivotal role in rhizospheric interactions and root colonization[J]. PLoS One, 2013, 8(10): e78118.
- [20] 周世忠, 王自林, 李淑敏, 等. 玉米连作效果分析[J]. 耕作与栽培, 1993(3): 5–8.
- ZHOU S Z, WANG Z L, LI S M, et al. Analysis of maize continuous cropping effect[J]. Tillage and Cultivation, 1993(3): 5–8. (in Chinese)
- [21] 王海霞, 王念平. 大棚蔬菜连作障碍防治措施[J]. 现代农业科技, 2007(16): 99.
- WANG H X, WANG N P. Prevention and control measures of continuous cropping obstacle of greenhouse vegetables[J]. Modern Agricultural Science and Technology, 2007(16): 99. (in Chinese)
- [22] 郭玉霞, 南志标, 王成章, 等. 苜蓿根部入侵真菌研究进展[J]. 草业学报, 2009, 18(5): 243–249.
- GUO Y X, NAN Z B, WANG C Z, et al. Research progress of invasive fungi in alfalfa roots[J]. Journal of Environmental Science and Technology, 2009, 18(5): 243–249. (in Chinese)
- [23] 李万苍, 马建仓, 李文明, 等. 玉米顶腐病发病原因研究及防治方法建议[J]. 草业科学, 2009, 26(11): 148–151.
- LI W C, MA J C, LI W M, et al. Study on the etiology of maize top rot and suggestions on its control[J]. Pratacultural Science, 2009, 26(11): 148–151. (in Chinese)
- [24] 郝 铠, 孟有儒. 玉米黑束病产量损失及品种抗病性鉴定[J]. 草业科学, 2009, 26(7): 133–136.
- HAO K, MENG Y R. Yield loss and variety resistance identification of maize black beam disease[J]. Pratacultural Science, 2009, 26(7): 133–136. (in Chinese)
- [25] 邢会琴, 马建仓, 杨 鹏, 等. 玉米品种抗顶腐病遗传多样性分析及其应用[J]. 中国生态农业学报, 2009, 17(4): 694–698.
- XING H Q, MA J C, YANG P, et al. Analysis and application of genetic diversity of maize varieties resistant to top rot[J]. Chinese Journal of Eco-Agriculture, 2009, 17(4): 694–698. (in Chinese)
- [26] 邢会琴, 马建仓, 毛 涛, 等. 防治玉米苗枯病室内药剂筛选[J]. 中国农学通报, 2010, 26(9): 319–322.
- XING H Q, MA J C, MAO T, et al. Screening of indoor insecticides for control of maize seedling blight[J]. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2010, 26(9): 319–322. (in Chinese)

(责任编辑:姜媛媛)