

# 马铃薯长期连作对土壤真菌群落特征的影响

胡新元<sup>1</sup>, 谭雪莲<sup>2</sup>, 孙小花<sup>3</sup>, 谢奎忠<sup>3</sup>, 柳永强<sup>3</sup>

(1. 甘肃省农业科学院, 甘肃省马铃薯种质资源创新工程实验室, 甘肃 兰州 730070;

2. 甘肃省农业科学院旱地农业研究所, 甘肃省水资源高效利用重点实验室, 甘肃 兰州 730070;

3. 甘肃省农业科学院马铃薯研究所, 甘肃 兰州 730070)

**摘要:**利用田间长期定位试验, 2019年基于ITS高通量测序研究马铃薯/春小麦/碗豆轮作(R)、马铃薯连作1 a(C1)、3 a(C3)、5 a(C5)、7 a(C7)和9 a(C9)的土壤真菌群落结构的演替特征。结果表明:随着马铃薯连作年限的增加,土壤真菌菌群丰度和Chao1显著增加,C7和C9马铃薯土壤真菌菌群丰度最高,R土壤真菌菌群丰度最低,C7和C9真菌群落的相似度较高,C7、C9处理与R处理的真菌群落相似度低,C1、C3、C5的真菌群落结构介于C7、C9与R之间;土壤真菌群落的相似度在纲水平上分为两类,C7和C9为一组,R、C1、C3、C5为一组;在不同连作年限的马铃薯农田土壤中,共检测到273个真菌属,其中有13个真菌属处理间差异显著,其中,青霉菌(*Penicillium*)在C5、C7和C9土壤中数量显著高于R,绿僵菌属(*Metarhizium*)在C5、C7、C9中相对丰度显著高于R、C1、C3,镰刀菌属(*Fusarium*)在C5中相对丰度达最高,显著高于R、C1、C3以及C7、C9;马铃薯连作5 a后引起农田真菌群落分布发生变化。青霉菌、绿僵菌属在长期连作农田中大量富集,镰刀菌属数量下降,连作障碍程度趋于减缓。

**关键词:**马铃薯;连作;土壤真菌群落

**中图分类号:**S532;S154.36 **文献标志码:**A

## Effects of potato continuous cropping on soil fungal community characteristics

HU Xinyuan<sup>1</sup>, TAN Xuelian<sup>2</sup>, SUN Xiaohua<sup>3</sup>, Xie Kuizhong<sup>3</sup>, LIU Yongqiang<sup>3</sup>

(1. Gansu Academy of Agricultural Sciences/ Innovation Engineering Laboratory of Potato Germplasm Resources of Gansu Province, Lanzhou, Gansu 730070, China)

(2. Institute of Dryland Agriculture, Gansu Academy of Agricultural Sciences/ Key Laboratory of Efficient Utilization of Water in Dry Farming of Gansu Province, Lanzhou, Gansu 730070, China)

(3. Potato Institute, Gansu Academy of Agricultural Sciences, Lanzhou, Gansu 730070, China)

**Abstract:** In this study, a long-term field positioning experiment was used to study the succession characteristics of soil fungal community structure in potato/spring wheat/soybean rotation (R), potato continuous cropping for 1 year (C1), 3 years (C3), 5 years (C5), 7 years (C7) and 9 years (C9) based on ITS high-throughput sequencing in 2019. The results showed that with the increase of continuous cropping years, the richness and Chao1 of soil fungi increased significantly. The richness of C7 and C9 soil fungi was the highest, while the richness of R soil fungi was the lowest. The similarity of C7 and C9 fungal communities was higher, but the similarity of C7 and C9 fungal communities was lower than that of R. The fungal population structure of C1, C3 and C5 were between C7, C9 and R. At the class level, the similarity of soil fungal communities was divided into two groups: C7 and C9 in one group, and R, C1, C3 and C5 in one group. A total of 273 fungal genera were detected in potato soil of different continuous cropping years, among which 13 fungal genera were significantly different. The number of *Penicillium* in C5, C7 and C9 soil was significantly higher than that in R soil. The relative abundance of *Metarhizium*

in C5, C7 and C9 was significantly higher than that of R, C1 and C3, while the relative abundance of *Fusarium* in C5 was the highest, significantly higher than that of R, C1, C3, C7 and C9. The distribution of fungal community changed after 5 years of continuous potato cropping. *Penicillium* and *Metarhizium* were enriched and *Fusarium* species were reduced in long-term continuous cropping farmland. The degree of continuous cropping obstacle tended to be reduced.

**Keywords:** potato; continuous cropping; soil fungal community structure

马铃薯 (*Solanum tuberosum* L.) 是世界第四大粮食作物, 我国是马铃薯种植面积最大的国家, 约占世界种植面积的 22%<sup>[1-2]</sup>。由于人口不断增长, 预计到 2050 年全球粮食需求将翻一番<sup>[3-4]</sup>。中国作为世界第二大经济体, 一直在采取措施提高粮食产量, 2015 年中国农业部启动马铃薯主粮化战略, 到 2020 年, 马铃薯面积由  $5.3 \times 10^6 \text{ hm}^2$  增加到  $1.0 \times 10^7 \text{ hm}^2$  以上<sup>[5]</sup>。近年来, 马铃薯连年种植现象非常普遍, 连作会造成环境因子的过度消耗, 使土壤微生态环境恶化, 植物病原体富集, 最终导致作物生长障碍<sup>[6]</sup>。连作导致马铃薯土传病害逐年加剧, 严重影响了马铃薯产业的健康发展。据报道, 马铃薯连作 2 a, 产量没有显著变化, 但连作第 3 年, 产量下降 17.07% 以上<sup>[7-8]</sup>。有研究表明, 微生物生态系统的失衡是造成连作障碍发生的主要原因之一, 土壤微生物类群的变化又会影响土壤微生态功能<sup>[6]</sup>。马铃薯连作导致的土壤微生物群落结构演替一直以来备受关注。因此, 研究不同连作年限下土壤微生物多样性的变化, 对于促进马铃薯种植业的可持续发展具有重要意义。

土壤真菌与土传病害的发生密切相关<sup>[9]</sup>。孟品品等<sup>[10]</sup>采用 PCR-DGGE 分子指纹图谱技术研究了马铃薯连作对根际土壤真菌种群结构的影响, 研究表明连作使根际土壤中病原真菌成为优势种群, 根际微生态环境恶化。李继平等<sup>[11]</sup>采用稀释平板法和残渣分离法研究了马铃薯连作对土壤病原真菌种群动态变化的影响, 发现 0~10 cm 土层中土传病原真菌菌落数随连作年限的增加而增加。龚静等<sup>[12]</sup>研究表明, 马铃薯连作 1 季和 3 季土壤真菌结构相似。研究发现, 大豆长期连作, 真菌群落结构和功能组成向利于植物健康方向发展<sup>[13]</sup>。大豆长期连作 (6~38 a), 土壤中抑制大豆胞囊线虫的假单胞菌属 (*Pseudomonas*)、紫霉属 (*Purpureocillium*) 和 *pochonia* 丰度逐年增加<sup>[14]</sup>。与连作 3 a 相比, 大豆连作 20 a 根际土壤中根腐病原菌镰孢菌 (*Fusarium oxysporum*) 种群密度显著降低<sup>[15]</sup>。长期种植马铃薯是否有利于抑病土的产生, 从而抑制病原菌的生长, 改善土壤环境和植株生长, 马铃薯是

否可以进行适度连作, 目前仍罕见报道。因此, 本研究采用高通量测序技术, 通过研究马铃薯土壤真菌多样性和群落结构在连作条件下的演变规律, 以期为解决马铃薯适度连作和土壤微生态修复问题提供理论依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 研究区概况和试验设计

试验布设在甘肃省定西市安定区宁远镇红土村中川社 (35°26.714'N, 104°50.886'E), 海拔 1 991 m, 试验地为平坦川地, 属中温带偏旱区, 日照时数 2 476.6 h, 年均气温 6.4℃,  $\geq 10^\circ\text{C}$  积温 2 239.1℃, 无霜期 140 d。多年平均降水量 390.9 mm, 年蒸发量 1 531 mm, 干燥度 2.53, 为典型的黄土高原半干旱雨养农业区, 土壤为典型的黄绵土。

2010 年 3 月开始进行定位试验, 供试品种为: 春小麦 (定西 35 号)、豌豆 (陇豌 1 号)、马铃薯 (陇薯 10 号)。试验采用随机区组设计, 设 6 个处理。(1) 轮作 (R): 马铃薯/小麦/豌豆序列轮作, 2019 年种植马铃薯; (2) 马铃薯连作 1 a (C1): 2018—2019 年连续 2 a 种植马铃薯; (3) 马铃薯连作 3 a (C3): 2016—2019 年连续 4 a 种植马铃薯; (4) 马铃薯连作 5 a (C5): 2014—2019 年连续 6 a 种植马铃薯; (5) 马铃薯连作 7 a (C7): 2012—2019 年连续 8 a 种植马铃薯; (6) 马铃薯连作 9 a (C9): 2010—2019 年连续 10 a 种植马铃薯。C5~C9 处理的前茬作物均为春小麦。每个处理 3 次重复, 共 18 个小区, 每个小区面积为  $23.8 \text{ m}^2$  ( $5.67 \text{ m} \times 4.2 \text{ m}$ )。

### 1.2 播种、施肥量及田间管理

小麦播种量为  $187.5 \text{ kg} \cdot \text{hm}^{-2}$ , 3 月下旬播种, 7 月下旬收获。豌豆播种量为  $180 \text{ kg} \cdot \text{hm}^{-2}$ , 4 月初播种, 7 月中旬收获。马铃薯种植密度为  $67\ 500 \text{ 株} \cdot \text{hm}^{-2}$ , 4 月下旬种植, 9 月下旬收获。小麦施肥量为纯 N 和  $\text{P}_2\text{O}_5$  各  $105 \text{ kg} \cdot \text{hm}^{-2}$ , 豌豆施肥量为纯 N  $135.0 \text{ kg} \cdot \text{hm}^{-2}$ 、 $\text{P}_2\text{O}_5$   $108.0 \text{ kg} \cdot \text{hm}^{-2}$ , 马铃薯施肥量为纯 N  $135 \text{ kg} \cdot \text{hm}^{-2}$ 、 $\text{P}_2\text{O}_5$   $108 \text{ kg} \cdot \text{hm}^{-2}$ 。在作物生长季节, 杂草采用人工除草, 此外无其他田间管理措施。

### 1.3 取样

马铃薯块茎膨大期采用“S”形方法取样,从0~20 cm 土层采集距离马铃薯根部周围0~2 cm 土样,样品混匀后过2 mm 筛,装入无菌塑料离心管中,放入液氮中带回实验室,并储存于-80℃冰箱用于微生物分析。

### 1.4 土壤微生物高通量测序

使用 MN NucleoSpin soil Kit (Machery-nagel, Dueren, Germany) 从0.75 g 土壤中提取总DNA。根据真菌 ITS1 保守区使用引物 ITS1F (5'-CTTGGT-CATTTAGAGGAAGTAA-3') 和 ITS2 (5'-GCT-GCGTTCTTCATCGATGC-3')。每10 μl PCR 混合物中含有5 μl KOD FX Neo Buffer、0.3 μl 10 μM 引物、2 μl dNTP (每个2 mmol · L<sup>-1</sup>)、0.2 μl KOD FX Neo、50 ng DNA,并加入蒸馏水定容至10 μl。每个样品进行重复扩增、合并,然后使用 Cycle Pure Kit (Omega, Norcross, GA, USA) 进行纯化,形成测序文库,使用 Illumina HiSeq 2500 技术进行测序分析。

### 1.5 数据质控和数据处理

每个种植方式对应选取3个独立土壤样品进行ITS测序,鉴定样品中的真菌;测序序列的Q3控制90%以上;从样本中随机抽取一定数量的序列,统计这些序列所代表的物种数目,并以序列数与物种数

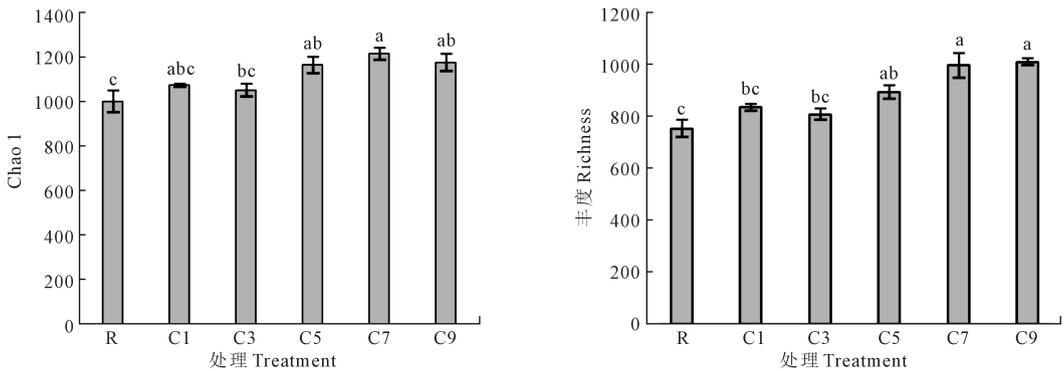
来构建曲线,控制序列数取值在曲线平缓段,保证测序数据量饱和,足以反映样品中的物种多样性。

用 QIIME 软件挑选出属分类学水平上丰度最高的 OTU 序列作为代表序列,进行多重序列比对并构建系统进化树,然后通过 Python 语言工具绘制图形。通过 Beta 多样性分析来比较不同样品在物种多样性方面(群落组成及结构)存在的差异大小,根据距离矩阵获得相应距离下的样品层次聚类树,并进行非度量多维标定(Non-metric multi-dimensional scaling, NMDS)分析。

## 2 结果与分析

### 2.1 土壤丰富度和多样性比较

采用高通量测序技术对马铃薯土壤真菌群落的α-多样性指数进行了分析。马铃薯连作年限对土壤真菌群落丰富度有显著影响,相似性水平为97%(图1)。随着马铃薯连作年限的增加,土壤真菌菌群丰度和Chao1显著增加。连作7 a和9 a的马铃薯土壤真菌菌群丰度最高,马铃薯/春小麦/碗豆轮作的马铃薯土壤真菌菌群丰度最低。C7与C9间无显著差异,而C7、C9与R、C1 C3间差异显著。表明连作年限的增加使土壤真菌群落的丰富度和多样性提高。



注:不同字母表示处理间差异显著( $P<0.05$ )。

Note: Different letters indicate significant differences among different treatments ( $P<0.05$ ).

图1 马铃薯连作年限对土壤真菌群落 Chao1 和菌群丰度的影响

Fig.1 Effect of potato continuous cropping years on Chao1 and community richness of soil fungal communities

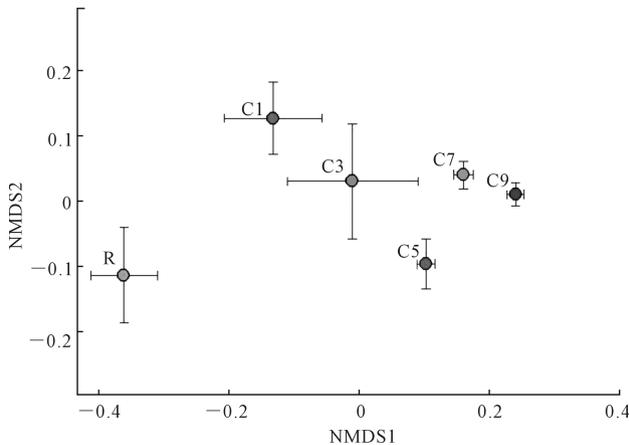
### 2.2 土壤真菌群落组成

对马铃薯土壤真菌群落的分布进行了分析(图2),置换检验(Permutation test)表明,种植年限对马铃薯土壤真菌群落的分布有显著影响( $R^2=0.56, P<0.001$ )。从图2可以看出,C7和C9处理比较接近,说明这两个处理的真菌群落相似度较高,他们和R处理的距离较远,C1、C3和C5处理位于R处理和C7、C9处理之间,证明C7和C9处理与R处理的真菌群落相似度低,真菌群落差异显著。

### 2.3 土壤纲水平真菌群落组成

对检测到的>90%的真菌群落在纲水平的分类进行分析(图3,见189页),可以看出,试验供试样本主要富集的13个真菌纲:锤舌菌纲(Leotiomyces)、伞菌纲(Agaricomycetes)、壶菌纲(Chytridiomycetes)、座囊菌纲(Dothideomycetes)、子囊菌纲(Ascomycota\_unidentified)、粪壳菌纲(Sordariomycetes)、银耳纲(Tremellomycetes)、盘菌纲(Pezizomycetes)、散囊菌纲(Eurotiomycetes)、酵母纲(Saccharomycete)、

Fungi\_unidentified、Archaeorhizomycetes、伞型束梗孢菌纲(Agaricostilbomycetes)。土壤真菌群落的相似性总体分为两类,C7和C9处理为一组,其他处理分为一组。R、C1、C3、C5间差异较小,长期连作C7和C9间差异较小,而R、C1、C3、C5与C7、C9间差异较大,说明连作7a后马铃薯田土壤真菌群落结构发生较大改变。再细分,R处理和C1、C3、C5处理分开,可以分为3组,这和图2的真菌群落相似性分类相似,说明马铃薯轮作和连作也会引起土壤微生物群落一定的变化。



注:NMDS是基于真菌群落组成的布雷-柯蒂斯距离。误差条表示标准误差。

Note: NMDS are based on Bray-Curtis distances according to fungal community composition. Error bars indicate standard errors.

图2 不同马铃薯连作年限下土壤真菌群落的非度量多维尺度(NMDS)图

Fig.2 NMDS plot showing the shift of fungal communities in relation to potato continuous cropping years

#### 2.4 土壤有害真菌属水平的分类与分布

在不同种植年限的马铃薯农田土壤中,共检测到273个真菌属,其中平均相对丰度 $>0.15\%$ 的真菌属有44个,对检测到的丰度排名前44的真菌属进行差异分析,其中,13个真菌属在不同处理的马铃薯农田土壤中差异显著(图4),分别为:镰刀菌属(*Fusarium*)、Nectriaceae、灵芝属(*Ganoderma*)、*Metarhizium*、*Lecanicillium*、木生红曲霉属(*Xylogone*)、丛赤壳属(*Nectria*)、*Ascomycota\_unidentified*、曲霉属(*Aspergillus*)、青霉属(*Penicillium*)、头梗霉(*Cephalophora*)、隐球菌属(*Cryptococcus*)、刚毛四枝孢菌属(*Tetraccladium*)。青霉菌在连作5、7a和9a的土壤中数量显著高于轮作。潜在的有害病菌为镰刀菌属(*Fusarium*)、Nectriaceae、灵芝属(*Ganoderma*)、绿僵菌属(*Metarhizium*)、*Lecanicillium*、木生红曲霉属(*Xylogone*)、丛赤壳属(*Nectria*),其中,镰刀菌属是

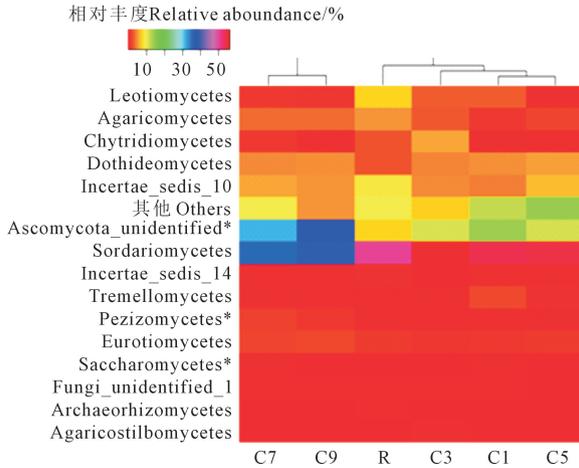
引起马铃薯枯萎病的土传病原真菌。镰刀菌属种类很多,本研究土壤中主要是尖孢镰刀菌(*F.oxysporum*),而绿僵菌属在马铃薯连作土壤中属于拮抗菌,没有致病性。

土壤潜在有害病原真菌属水平丰度聚类分析显示(图5),不同连作年限潜在病原菌群落可以分为两组,C5、C7、C9处理为一组,R、C1、C3为一组,同一组内真菌群落组成类型相似。结果表明马铃薯连作5、7a和9a群落组成在属水平上相似性较高,而马铃薯轮作、连作1a、连作3a群落组成在属水平上相似性较高。由此可见,当马铃薯连作5a以后,土壤潜在病原真菌种群丰度开始发生较大变化。病原菌镰刀菌属(*Fusarium*)在C5中相对丰度达最高,显著高于R、C1、C3以及C7、C9。拮抗菌绿僵菌属(*Metarhizium*)在C5、C7、C9中相对丰度显著高于R、C1、C3。

### 3 讨论

连作障碍的产生与土壤微生物的多样性密不可分,土壤真菌多样性和数量与土壤健康状况呈负相关<sup>[16]</sup>,长期连作使作物土壤微环境发生改变,土壤真菌多样性和丰富度有所提高,破坏了原有土壤微生物群落的结构,影响作物的健康生长<sup>[17-18]</sup>。目前不同作物不同连作年限的研究结果不尽相同。赵存鹏等<sup>[6]</sup>研究得出,轮作后棉花根际土壤中真菌Chao1、ACE和Shannon指数显著高于连作棉田。张子龙等<sup>[19]</sup>研究表明,小麦/三七轮作土壤真菌群落多样性和丰富度显著高于三七连作。刘珊廷等<sup>[20]</sup>研究表明木薯轮作根际土壤中Shannon指数和Chao1指数均高于连作。而本研究发现,随着连作年限的增加,真菌多样性指数呈上升趋势。马铃薯连作5a Richness显著高于小麦/马铃薯轮作,马铃薯连作7a和9a菌群丰度显著高于连作1、3a以及小麦/马铃薯轮作,马铃薯连作3a的Chao1显著高于小麦/马铃薯轮作,马铃薯连作5、7a和9a与连作3a和轮作处理间差异显著。说明随着马铃薯种植年限的延长,马铃薯田真菌多样性呈上升趋势。这与大豆连作20a的根际土壤真菌种群的多样性显著高于3a短期连作的研究结论一致<sup>[15]</sup>。

连作通常会使得土壤中真菌致病菌数量增加,植株根系释放的分泌物也会促进病原菌的繁殖和生长,同时抑制有益细菌的生长,使病原菌成为优势种群而引发土传病害,使作物植株生长发育不良而引起产量和品质下降<sup>[21-22]</sup>。本研究中,从真菌属分类水平进行分析,马铃薯土壤中优势真菌属包括镰



注: \* 表示处理间差异显著 ( $P < 0.05$ ), 下同。

Note: \* shows significant differences among treatments ( $P < 0.05$ ), the same below.

图3 连作年限对马铃薯田土壤纲水平真菌群落影响的热图

Fig.3 Heat map shows the effects of continuous cropping years on potato soil fungal community at class level

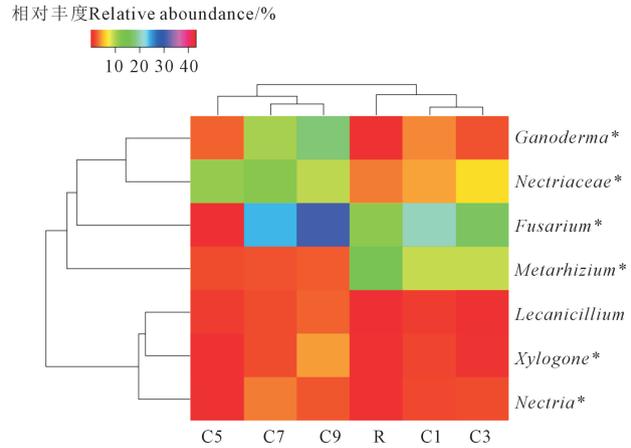


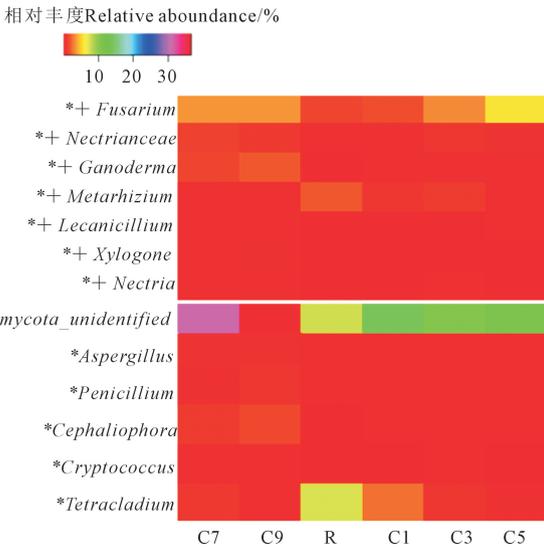
图5 不同处理下属水平的潜在有害真菌热图聚类

Fig.5 Heat map shows potential harmful fungus at genus level under different treatments

和干腐病的土传病害致病菌<sup>[11]</sup>。本研究中,镰刀菌属在连作土壤中的丰度较高,尤其是连作第5年的土壤,这与刘星等<sup>[23]</sup>研究显示, *Fusarium* sp.、*Fusarium solani* 在马铃薯连作土壤中数量均增加的结论一致。

马铃薯枯萎病病原菌种类随地域不同而有差异,其致病力也不一致。引起枯萎病的病原菌镰刀菌 (*Fusarium* spp.) 主要有茄病镰刀菌 (*F. solani*)、尖孢镰刀菌 (*F. oxysporum*)、接骨木镰刀菌 (*F. sambucinum*)、雪腐镰刀菌 (*F. nivale*)、串珠镰刀菌 (*F. moniliforme*)、三线镰刀菌,锐顶镰刀菌 (*F. acuminatum*) 和燕麦镰刀菌 (*F. avenaceum*) 等<sup>[24]</sup>。河北马铃薯枯萎病病原菌为茄病镰刀菌、串珠镰刀菌和尖孢镰刀菌<sup>[25]</sup>。内蒙古和甘肃马铃薯枯萎病病原菌有尖孢镰刀菌、茄病镰刀菌和三线镰刀菌<sup>[25]</sup>,甘肃马铃薯枯萎病病原菌还有燕麦镰刀菌<sup>[26]</sup>。本研究中,马铃薯连作土壤中尖孢镰刀菌 (*F. oxysporum*) 在连作5a的土壤中大量富集,说明在甘肃定西马铃薯种植区内,尖孢镰刀菌是导致马铃薯发病的主要致病菌。同时,尖孢镰刀菌也是河北、内蒙、甘肃马铃薯枯萎病的主要致病菌。

然而,长期连作的效果不一定是负面的,有研究发现,作物连作可能引起拮抗菌逐年富集<sup>[27]</sup>,某些有益菌数量也会增加<sup>[28]</sup>,这些有益菌群通常产生一些激素类化合物,通过促进作物养分吸收、抑制病原菌生长等方式来促进植物生长。一些作物在一定连作年限后土壤逐步得到自我恢复,并且连作障碍程度趋于减轻甚至消失<sup>[29]</sup>。本研究中, *Ascomycota\_unidentified*、曲霉属 (*Aspergillus*)、青霉属 (*Penicillium*)、头梗霉 (*Cephalophora*)、隐球菌属 (*Cryptococcus*)、刚毛四枝孢菌属 (*Tetracladium*) 等有



注: + 表示该真菌属为潜在的有害病菌。

Note: + indicates that the fungus is a potentially harmful pathogen.

图4 连作年限对马铃薯田土壤属水平真菌群落影响的热图

Fig.4 Heat map shows the effects of continuous cropping years on potato soil fungal community at genus level

刀菌属 (*Fusarium*)、*Nectriaceae*、灵芝属 (*Ganoderma*)、绿僵菌属 (*Metarhizium*)、*Lecanicillium*、木生红曲霉属 (*Xylogone*)、丛赤壳属 (*Nectria*) 等致病病原菌;在我国,马铃薯土传病害主要有枯萎病 (*Fusarium* sp)、干腐病 (*Fusarium* sp)、青枯病 (*Ralstonia solanacearum*)、黄萎病 (*Verticillium dahliae*)、黑痣病 (*Rhizoctonia solani*)、疮痂病 (*Streptomyces scabies*)、粉痂病 (*Spongospora subterranean*) 等。已有研究显示,镰刀菌属 (*Fusarium* spp.) 是引起马铃薯枯萎病

益菌真菌属在不同处理的马铃薯根部土壤中差异显著。其中,青霉菌在连作5、7 a和9 a的土壤中数量显著高于轮作。青霉菌(*Penicillium*)参与有机物的分解,促进土壤碳和氮的循环,降解土壤中的有害物质<sup>[30]</sup>,其产生的代谢活性物质对部分镰刀菌属(*Fusarium*)病原菌产生明显抑制作用<sup>[31]</sup>。这有可能是镰刀菌在连作5 a的土壤中数量达到最高,在连作7 a和9 a的土壤中数量又开始显著降低的原因,与大豆连作20 a的土壤中,镰孢菌数量显著低于3 a连作的结论一致<sup>[15]</sup>。本研究中,绿僵菌属(*Metarhizium*)在马铃薯连作5、7 a和9 a的土壤中相对丰度显著增加。绿僵菌属(*Metarhizium*)可以对植物病害产生拮抗作用<sup>[32]</sup>,同时促进植物对氮素营养的吸收,增强植物抗病性<sup>[33]</sup>,还可以分泌各种有机酸溶解土壤中固态磷,提高作物养分利用率<sup>[34]</sup>。

## 4 结 论

1)与马铃薯轮作农田相比,马铃薯连作7 a和9 a的农田土壤真菌菌群丰度和Chao1显著提高,说明马铃薯连作7 a后,农田土壤真菌群落的丰富度和多样性增加。

2)对马铃薯土壤真菌群落的分布进行分析,表明C7和C9真菌群落结构相似度较高,C1、C3、C5真菌群落结构相似度较高,C7和C9与R的真菌群落结构差异较大,C1、C3、C5的真菌种群群落结构介于C7、C9与R之间。说明马铃薯长期连作会引起土壤微生物群落的变化,尤其是连作7 a真菌群落结构发生较大改变。

3)引起马铃薯枯萎病的土传致病菌镰刀菌属(*Fusarium*)在C5中相对丰度达最高,显著高于R、C1、C3以及C7、C9。有益菌青霉菌(*Penicillium*)在C5、C7和C9的土壤中数量显著高于R。拮抗菌绿僵菌属(*Metarhizium*)在C5、C7、C9中相对丰度显著高于R、C1、C3。马铃薯连作5 a和7 a的农田土壤中拮抗菌和有益菌大量富集,同时,土传病原菌在连作5 a土壤中也大量富集,但是在连作7 a和9 a土壤中数量逐渐下降。

## 参 考 文 献:

[1] 庞昭进,郭安强,王有增,等.发展我国马铃薯主粮化的建议[J].河北农业科学,2015,19(3):106-108.  
PANG Z J, GUO A Q, WANG Y Z, et al. Suggestions on development of potato as principal grains in China[J]. Journal of Hebei Agricultural Sciences, 2015, 19(3): 106-108.

[2] 徐进,朱杰华,杨艳丽,等.中国马铃薯病虫害发生情况与农药使用现状[J].中国农业科学,2019,52(16):2800-2808.  
XU J, ZHU J H, YANG Y L, et al. Status of major diseases and insect

pests of potato and pesticide usage in China[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2019, 52(16): 2800-2808.

[3] GODFRAY H C J, BEDDINGTON J R, CRUTE I R, et al. Food security: the challenge of feeding 9 billion people[J]. Science, 2010, 327(5967): 812-818.

[4] TILMAN D, BALZER C, HILL J, et al. Global food demand and the sustainable intensification of agriculture[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2011, 108(50): 20260-20264.

[5] 梁岩.马铃薯主粮化的路径探索[J].中国粮食经济,2015(3):26-29.  
LIANG Y. Exploration on the path of potato staple food[J]. China Grain Economy, 2015(3): 26-29.

[6] 赵存鹏,郭宝生,刘素恩,等.粮棉轮作对土壤中养分及真菌多样性的影响[J].华北农学报,2017,32(6):139-146.  
ZHAO C P, GUO B S, LIU S E, et al. Effect of cotton and grain crops rotation on nutrients contents and diversity of fungi in the soil[J]. Acta Agriculturae Boreali-Sinica, 2017, 32(6): 139-146.

[7] 刘星,张书乐,刘国锋,等.连作对甘肃中部沿黄灌区马铃薯干物质积累和分配的影响[J].作物学报,2014,40(7):1274-1285.  
LIU X, ZHANG S L, LIU G F, et al. Effects of continuous cropping on dry matter accumulation and distribution of potato plants in the Yellow River irrigation areas of middle Gansu Province[J]. Acta Agronomica Sinica, 2014, 40(7): 1274-1285.

[8] 焦润安,徐雪风,杨宏伟,等.连作对马铃薯生长和土壤健康的影响及机制研究[J].干旱地区农业研究,2018,36(4):94-100.  
JIAO R A, XU X F, YANG H W, et al. Study on the effect and its mechanism of continuous cropping on potato growth and soil health[J]. Agricultural Research in the Arid Areas, 2018, 36(4): 94-100.

[9] FRAC M, HANNULA S E, BEŁKA M, et al. Fungal biodiversity and their role in soil health[J]. Frontiers in Microbiology, 2018, 9: 707.

[10] 孟品品,刘星,邱慧珍,等.连作马铃薯根际土壤真菌种群结构及其生物效应[J].应用生态学报,2012,23(11):3079-3086.  
MENG P P, LIU X, QIU H Z, et al. Fungal population structure and its biological effect in rhizosphere soil of continuously cropped potato[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2012, 23(11): 3079-3086.

[11] 李继平,李敏权,惠娜娜,等.马铃薯连作田土壤中主要病原真菌的种群动态变化规律[J].草业学报,2013,22(4):147-152.  
LI J P, LI M Q, HUI N N, et al. Population dynamics of main fungal pathogens in soil of continuously cropped potato[J]. Acta Prataculturae Sinica, 2013, 22(4): 147-152.

[12] 龚静,马海燕,郑顺林,等.连作对马铃薯酚酸类自毒物质及根际真菌群落的影响[J].西北农业学报,2021,30(3):431-438.  
GONG J, MA H Y, ZHENG S L, et al. Effect of continuous cropping on autotoxic substances and rhizosphere fungi communities in potato[J]. Acta Agriculturae Boreali-Occidentalis Sinica, 2021, 30(3): 431-438.

[13] LIU H, PAN F J, HAN X Z, et al. Response of soil fungal community structure to long-term continuous soybean cropping[J]. Frontiers in Microbiology, 2018, 9: 3316.

[14] HAMID M I, HUSSAIN M, WU Y P, et al. Successive soybean-monoculture cropping assembles rhizosphere microbial communities for the soil suppression of soybean cyst nematode[J]. FEMS Microbiology Ecology, 2017, 93(1): fiv222.

- [15] 魏巍,许艳丽,朱琳,等.长期连作对大豆根际土壤镰孢菌种群的影响[J].应用生态学报,2014,25(2):497-504.  
WEI W, XU Y L, ZHU L, et al. Impact of long-term continuous cropping on the *Fusarium* population in soybean rhizosphere[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2014, 25(2): 497-504.
- [16] HU H Q, LI X S, HE H. Characterization of an antimicrobial material from a newly isolated *Bacillus amyloliquefaciens* from mangrove for biocontrol of capsicum bacterial wilt[J]. Biological Control, 2010, 54(3): 359-365.
- [17] JOUQUET P, CHINTAKUNTA S, BOTTINELLI N, et al. The influence of fungus-growing termites on soil macro and micro-aggregates stability varies with soil type[J]. Applied Soil Ecology, 2016, 101: 117-123.
- [18] 冯翠娥,岳思君,简阿妮,等.硒砂瓜连作对土壤真菌群落结构的影响[J].中国生态农业学报(中英文),2019,27(4):537-544.  
FENG C E, YUE S J, JIAN A N, et al. The effect of continuous cropping of selenium melon on soil fungal community structure[J]. Chinese Journal of Eco-Agriculture, 2019, 27(4): 537-544.
- [19] 张子龙,李凯明,杨建忠,等.轮作对三七连作障碍的消减效应研究[J].西南大学学报(自然科学版),2015,37(8):39-46.  
ZHANG Z L, LI K M, YANG J Z, et al. Effects of crop rotation for reducing continuous cropping obstacles in *Panaxnotoginseng* cultivation [J]. Journal of Southwest University (Natural Science Edition), 2015, 37(8): 39-46.
- [20] 刘珊廷,罗兴录,吴美艳,等.连作与轮作下木薯产量及土壤微生物特征比较[J].热带作物学报,2019,40(8):1468-1473.  
LIU S T, LUO X L, WU M Y, et al. Comparison of cassava yield and soil microbial characteristics under continuous cropping and rotation [J]. Chinese Journal of Tropical Crops, 2019, 40(8): 1468-1473.
- [21] ZHENG Y, JI N N, WU B W, et al. Climatic factors have unexpectedly strong impacts on soil bacterial  $\beta$ -diversity in 12 forest ecosystems[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2020, 142: 1-9.
- [22] 王文丽,李娟,赵旭.生物有机肥对连作当归根际土壤细菌群落结构和根腐病的影响[J].应用生态学报,2019,30(8):2813-2821.  
WANG W L, LI J, ZHAO X. Effects of biological organic fertilizer on rhizosphere soil bacteria community and root rot diseases of continuous cropping *Angelica sinensis* [J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2019, 30(8): 2813-2821.
- [23] 刘星,邱慧珍,王蒂,等.甘肃省中部沿黄灌区轮作和连作马铃薯根际土壤真菌群落的结构性差异评估[J].生态学报,2015,35(12):3938-3948.  
LIU X, QIU H Z, WANG D, et al. Evaluation on fungal community structure of rhizosphere soils of potato under rotation and continuous cropping systems in Yellow River irrigation areas of middle Gansu Province[J]. Acta Ecologica Sinica, 2015, 35(12): 3938-3948.
- [24] 安小敏.马铃薯土传病害生物防控技术的研究[D].呼和浩特:内蒙古农业大学,2017.  
AN X M. The research for biological control of potato soil-borne disease[D]. Hohhot: Inner Mongolia Agricultural University, 2017.
- [25] 薛玉凤.马铃薯枯萎病原菌学初步研究[D].呼和浩特:内蒙古农业大学,2012.  
XUE Y F. Preliminary study on the pathogen of potato fusarium wilt [D]. Hohhot: Inner Mongolia Agricultural University, 2012.
- [26] 王玉琴,杨成德,陈秀蓉,等.甘肃省马铃薯枯萎病(*Fusariumavenaceum*)鉴定及其病原生物学特性[J].植物保护,2014,40(1):48-53.  
WANG Y Q, YANG C D, CHEN X R, et al. Identification of potato wilt caused by *Fusariumavenaceum* and the biological characteristics of its pathogen[J]. Plant Protection, 2014, 40(1): 48-53.
- [27] SANTHANAM R, LUU V T, WEINHOLD A, et al. Native root-associated bacteria rescue a plant from a sudden-wilt disease that emerged during continuous cropping[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2015, 112(36): E5013-E5020.
- [28] ZHOU X G, LIU J, WU F Z. Soil microbial communities in cucumber monoculture and rotation systems and their feedback effects on cucumber seedling growth[J]. Plant and Soil, 2017, 415(1/2): 507-520.
- [29] HILTON S, BENNETT A J, KEANE G, et al. Impact of shortened crop rotation of oilseed rape on soil and rhizosphere microbial diversity in relation to yield decline [J]. Plos One, 2013, 8(4): e59859.
- [30] 罗清,彭程,叶波平.青霉属真菌研究新进展[J].药物生物技术,2016,23(5):452-456.  
LUO Q, PENG C, YE B P. New advances in research of the genus penicillium [J]. Pharmaceutical Biotechnology, 2016, 23(5): 452-456.
- [31] 曾志海,赵晋,朱广啟,等.木霉菌对黄芩根腐病原菌抑制作用初探[J].陕西农业科学,2018,64(3):33-34.  
ZENG Z H, ZHAO J, ZHU G Q, et al. Study on inhibiting effect of trichoderma on root rot pathogenic bacteria in *Scutellaria baicalensis* [J]. Shaanxi Journal of Agricultural Sciences, 2018, 64(3): 33-34.
- [32] 陈名君,侯因嵩,林俨,等.广德市笋罩山毛竹根际绿僵菌物种多样性及生态位研究[J].中国生物防治学报,2021,37(1):117-123.  
CHEN M J, HOU N S, LIN Y, et al. Species diversity and niche of *Metarhizium* spp. in the rhizosphere of *Phyllostachysedulis* in Jizhao mountains, Guangde City[J]. Chinese Journal of Biological Control, 2021, 37(1): 117-123.
- [33] 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.
- [34] BELL T H, EL-DIN HASSAN S, LAURON-MOREAU A, et al. Linkage between bacterial and fungal rhizosphere communities in hydrocarbon-contaminated soils is related to plant phylogeny[J]. ISME Journal, 2014, 8(2): 331-343.