
东北地理所在大豆长期连作对土壤真菌群落结构的影响方面取得进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/3815.html>

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

东北地理所在大豆长期连作对土壤真菌群落结构的影响方面取得进展。真菌是土壤微生物的重要组成部分，在土壤的生态过程中起着至关重要的作用，根据其对作物根系生长发育的影响可分为病原菌和有益菌。大豆是重要的经济作物和粮食作物，长期连作后影响土壤微生物的群落结构和多样性。由于病原真菌是大豆土传病害的主要病原，所以以往关于大豆连作土壤真菌的研究多集中于特定的几种真菌病害，对大豆连作后土壤真菌群落结构的整体变化研究较少，并且由于以往研究中方法技术的限制，只能观察到丰度较高的真菌类群，忽略了低丰度类群，以至不能深入了解大豆长期连作后土壤真菌群落结构及功能类群的变化。

中国科学院东北地理与农业生态研究所土壤物质循环学科组科研人员以大豆-玉米-小麦轮作(RS)，大豆短期连作(小麦-大豆-大豆)(SS)和大豆长期连作(CS)的大豆根围土壤为研究对象，采用qPCR及高通量测序(MiSeq)技术，探索长期连作对大豆田土壤真菌丰度、群落结构和一些功能菌群的影响。结果表明：大豆长期连作土壤真菌丰度显著高于大豆轮作和大豆短期连作(图1)。大豆轮作和短期连作土壤中真菌优势菌门是Ascomycota、Basidiomycota和Zygomycota，但长期连作土壤中Basidiomycota不再是优势菌门(图2)。主坐标分析(PCoA)显示，连作对土壤真菌群落组成和结构影响显著，长期连作和短期连作对土壤真菌群落影响也不同(图3)。Lefse分析表明潜在的致病菌(*Alternaria*和*Boeremia*)在大豆短期连作中起主要作用，潜在的有益菌(*Clonostachys*、*Metacordyceps*和*Metarhizium*)在大豆长期连作中起主要作用(图4)。进一步分析发现大豆连作后分别有10个潜在的致病菌和有益菌相对丰度发生显著变化，大豆连作后致病菌相对丰度增加的同时有益菌相对丰度也在显著增加(图5)。

相关研究结果发表在Frontiers in Microbiology上，刘杭和潘凤娟为第一作者，韩晓增和宋凤斌为通讯作者。研究得到国家重点研发项目(2016YFD0200300，2016YFD0300806)和国家自然科学基金(41771327)的联合资助。

论文信息：Liu H, Pan F, Han X, Song F, Zhang Z, Yan J and Xu Y (2019) Response of Soil Fungal Community Structure to Long-Term Continuous Soybean Cropping. Frontiers in Microbiology. 9:3316. doi: 10.3389/fmicb.2018.03316.

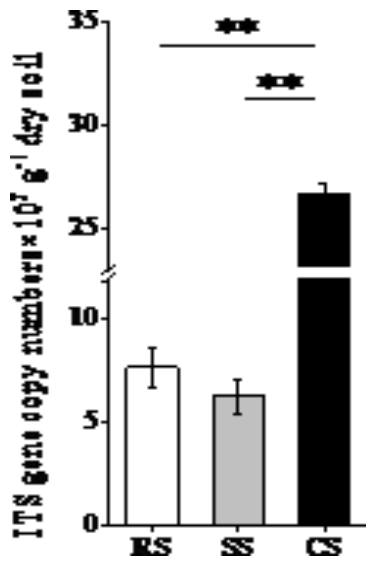


图1 大豆连作对真菌丰度的影响 图2 大豆轮作和连作条件下真菌在门水平上的群落组成

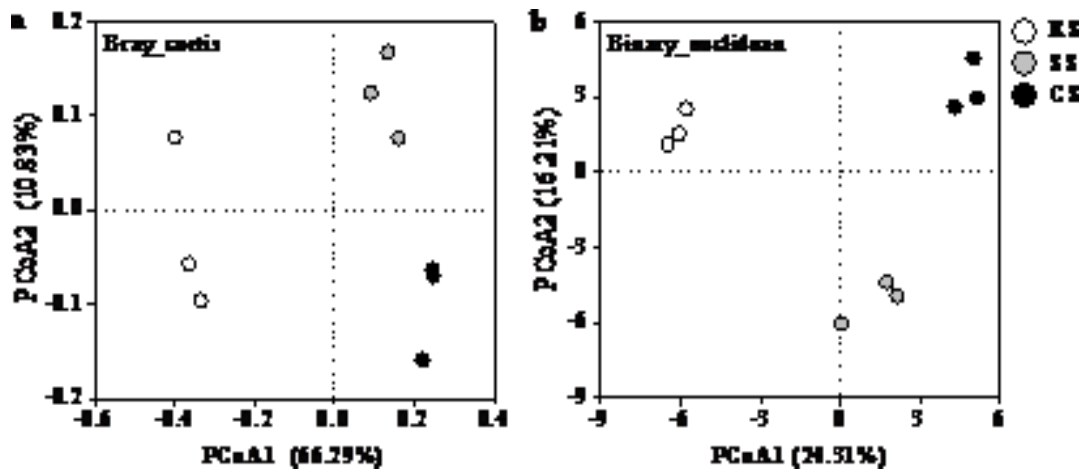


图3 基于Bray(a)和Binary(b)距离矩阵大豆轮作和连作真菌群落的主坐标分析(PCoA)

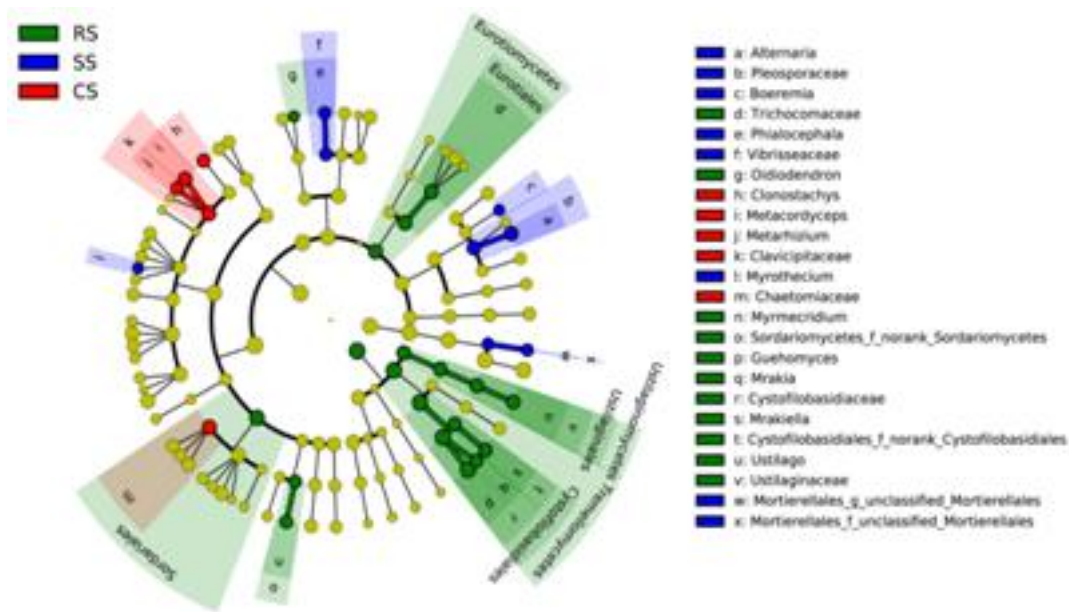


图4 大豆轮作和连作条件下真菌群落LefSe分析进化分枝图

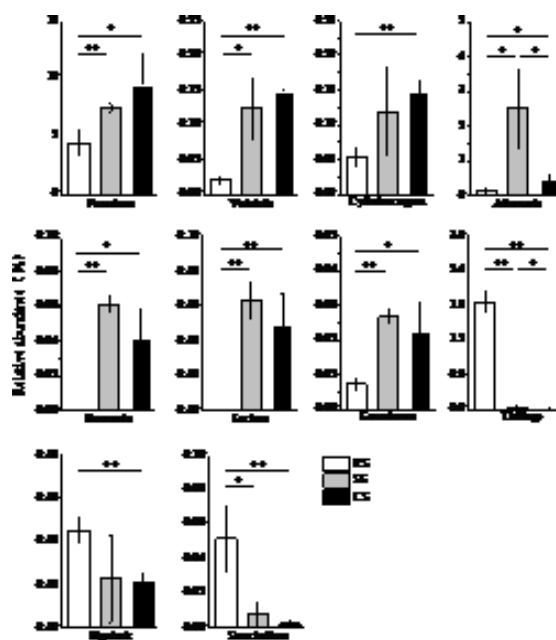


图5 大豆连作对潜在的致病菌和有益菌相对丰度的影响

更多 科学进展 请访问 <https://www.iikx.com/news/progress/>

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](http://www.iikx.com)转发