东北地理所在黑土区大豆连作障碍发生的微生物作用机制研究中取得进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/7434.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！

黑龙江省是我国大豆的主产区，大豆种植面积占全国种植面积40%左右，随着国家作物种植结构的调整和大豆产业振兴计划的实施，黑龙江省大豆种植面积逐步增加。长期的定位试验和多点的田间调查证实，大豆连作1年、2年和3年产量分别下降10-15%、15-20%和20-30%。因此，东北区大豆连作障碍的发生是一个不可回避的现实问题。

大量研究结果表明，大豆连作障碍的发生因素十分复杂，如土壤性状恶化、土壤酶活性降低、土壤病原微生物的富集和化感自毒作用等，这些因素既单独起作用也可能多个因素交织在一起，互相交联在一起共同起作用。而以往基于连作土壤灭菌实验证实，生物因素是导致连作障碍发生的主要制约因素。因此，开展大豆连作下微生物群落组成、多样性分布及群落演替规律及对策研究对阐明大豆连作障碍发生机制及推进现代农业可持续发展具有重要理论意义和实际应用价值。

中国科学院东北地理与农业生态研究所农田分子生态学科组基于大豆短期连作（3年和5年）、长期连作（13年）及大豆-玉米轮作等处理，采用高通量测序技术系统研究了东北区大豆连作障碍发生的微生物机制。研究发现，与短期连作相比，长期连作和轮作处理显著增加了土壤养分含量、细菌和真菌多样性指数而降低了土壤真菌与细菌数量的比值。发现土壤pH和C:N分别是驱动大豆连作下土壤细菌和真菌群落发生演替的主要影响因素。长期连作和轮作处理显著增加了有益细菌*Bradyrhizobium*sp和*Gemmatimonas*
sp的相对丰度，而显著降低了病原真菌*Fusarium*
sp的相对丰度（图1）。此外，与短期连作相比，长期连作和轮作处理增强了细菌和真菌群落的网络结构与稳定性。轮作处
理中具有分解木质素和纤维素等有益细菌*Bryobacter*、*Gemmatimonas*和
*Terracidiphilus*与真菌群落中具有抑制病原微生物生长的*Trichoderma*、*Mortierella*和
*Exophiala*作为主要的关键微生物类群（Module hubs和Connectors），可能对改善土壤环境具有积极的作用（图2）。总体而言，大豆长期连作处理在微生物数量、多样性指数及群落结构组成与短期连作处理差异显著，但与轮作处理相似，说明大豆长期连作导致了土壤产生“抑病土”的微生物基础。

该研究成果先后发表在*Applied Soil Ecology, Soil Tillage Research*和*Land Degradation and Development*
上。研究成果得到国家重点研发（2017YFD0200604）、国家自然科学基金和中科院青年创新促进会等的资助。

图1 不同处理下细菌与真菌群落组成及聚类分析图谱

图2 不同处理下细菌与真菌群落的网络结构

研究团队单位：东北地理与农业生态研究所

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转发