



研究报告

小麦/玉米轮作田根际微生物多样性分析

肖苗苗¹ 张红娟² 赵芳² 刘杰辉² 李蓉² 陈伟^{*1} 谢咸升^{*2}

1 山西师范大学生命科学学院 山西 临汾 041000

2 山西农业大学小麦研究所 山西 临汾 041000

摘要:【背景】小麦/玉米轮作是中国粮食作物主要种植模式之一，目前对小麦/玉米轮作田根际土壤微生物差异变化缺乏全面的了解。【目的】明确小麦/玉米根际土壤微生物差异变化并了解其潜在功能。【方法】以小麦/玉米根际土壤为材料，运用细菌 16S rRNA 基因和真菌 rDNA ITS 基因测序，分析小麦/玉米根际土壤微生物多样性。【结果】玉米季微生物丰富度高于小麦季，而多样性无明显差异。放线菌门(*Actinobacteria*)、变形菌门(*Proteobacteria*)、酸杆菌门(*Acidobacteria*)和绿弯菌门(*Chloroflexi*)为小麦季和玉米季根际土壤的优势细菌门，优势真菌门为子囊菌门(*Ascomycota*)。小麦季和玉米季共有细菌和真菌分别是 631 个和 261 个，小麦季特有细菌和真菌分别是 38 个和 58 个，玉米季特有细菌和真菌分别是 25 个和 39 个。LEfSe 分析(LDA 阈值为 2)细菌和真菌表明，放线菌门(*Actinobacteria*)和微囊菌目(*Microascales*)在小麦季富集，鞘脂单胞菌目(*Sphingomonadales*)和银耳纲(*Tremellomycetes*)在玉米季富集。小麦季、玉米季微生物代谢功能不同，与小麦季相比，玉米季养循环的代谢通路丰富度较高，而参与氧化应激的代谢通路丰富度较低。【结论】该研究结果对指导小麦/玉米轮作田管理具有理论和实践意义。

关键词: 小麦/玉米，轮作，根际，微生物，多样性

Diversity analysis of rhizosphere microbial in wheat/maize rotation field

XIAO Miaomiao¹ ZHANG Hongjuan² ZHAO Fang² LIU Jiehui² LI Rong²
CHEN Wei^{*1} XIE Xiansheng^{*2}

1 College of Life Science, Shanxi Normal University, Linfen, Shanxi 041000, China

2 Institute of Wheat Research, Shanxi Agricultural University, Linfen, Shanxi 041000, China

Abstract: [Background] Wheat/maize rotation is one of the main cropping patterns of grain crops in China. At present, there is still a lack of comprehensive understanding of the microbial diversity in rhizosphere soil of wheat/maize rotation field. [Objective] The objective of this thesis is to identify the

Foundation items: Key Research and Development Program of Shanxi Province (201603D321030); Basic Long-Term Scientific and Technological Work in Agriculture: Observation and Monitoring Project of National Agricultural Microbiology Data Center (ZX07S0408); Youth Foundation of Shanxi Province (201901D211403)

***Corresponding authors:** E-mail: CHEN Wei: chenweide2007@126.com; XIE Xiansheng: xxshlf@163.com

Received: 25-04-2021; **Accepted:** 02-07-2021; **Published online:** 30-07-2021

基金项目: 山西省重点研发项目(201603D321030); 农业基础性长期性科技工作国家农用微生物数据中心观测监测项目(ZX07S0408); 山西省青年基金(201901D211403)

***通信作者:** E-mail: 陈伟: chenweide2007@126.com; 谢咸升: xxshlf@163.com

收稿日期: 2021-04-25; **接受日期:** 2021-07-02; **网络首发日期:** 2021-07-30

variation of wheat/maize rhizosphere soil microorganisms and understand their potential functions. **[Methods]** In this study, wheat/maize rhizosphere soil was used as material, and bacterial 16S rRNA gene and fungal rDNA ITS gene sequencing were used to analyze the microbial diversity of wheat/maize rhizosphere soil. **[Results]** The results showed that the abundance of microorganisms in maize season was higher than that in wheat season, but there was no significant difference in diversity. *Actinobacteria*, *Proteobacteria*, *Acidobacteria* and *Chloroflexi* were the dominant phyla of bacterium in the rhizosphere soil in wheat and maize seasons, while *Ascomycota* was the dominant phylum of fungi. There were 631 and 261 common bacteria and fungus in wheat and maize seasons. There were 38 and 58 unique bacteria and fungus in wheat season, and 25 and 39 unique bacteria and fungus in maize season, respectively. LEfSe analysis (LDA threshold is 2) of bacterium and fungi showed that *Actinobacteria* and *Microascales* were enriched in wheat season. Meanwhile, *Sphingomonadales* and *Tremellomycetes* were enriched in maize season. Compared with wheat season, the abundance of metabolic pathways involved in nutrient cycling in maize season was higher, while the abundance of metabolic pathways involved in oxidative stress was lower. **[Conclusion]** The results have theoretical and practical significance for guiding the management of wheat/maize rotation fields.

Keywords: wheat/maize, rotation, rhizosphere, microorganism, diversity

土壤是“微生物种子库”,为植物提供了大量的微生物候选库^[1]。土壤微生物在生态系统中起着重要作用^[2],是影响土壤质量^[3]、土壤肥力和生产力^[4]的关键因素。同时,土壤微生物也是植物-土壤系统中比较活跃的组成成分,土壤微生物多样性代表着微生物群落的稳定性,对植物的生长发育和群落结构的演替具有重要作用^[5]。根际土壤微生物的数量和种类是影响植物生长发育和健康状况的重要因素^[6-8]。不同的根际微生物群落负责不同的生态系统功能,这些微生物自身和转化中释放一定的碳、氮、磷、硫,是一个巨大的养分库^[9-10]。根际微生物的变化影响土壤养分的吸收和转化^[11],有益微生物可通过提高土壤有效养分含量及吸收,在促进植物生长的同时提高植物抗病能力和抗逆能力^[12-13]。不同的耕作制度会影响根际土壤微生物,特别是有益微生物^[14]。

冬小麦-夏玉米轮作是我国一年两熟制农作物典型种植模式之一,其面积占我国粮食播种面积的68.4%^[15],在保证国家粮食安全方面具有重要地位。不同种植模式下的作物根际土壤微生物已有研究,王芳等^[16]对不同种植方式下大豆根际土壤细菌多样性进行分析,发现大豆轮作根际土壤细菌菌群多样性高于连作方式,并表明不同轮作方式细菌

菌属丰富度差异不明显。王素娜^[17]利用高通量测序技术研究了轮作缓解甜瓜连作障碍的机理,结果表明茴香/甜瓜轮作、苯甲酸苄基酯和木霉菌具有缓解甜瓜连作障碍的作用。全鑫等^[3]对小麦-玉米轮作一体化保护栽培期间土壤微生物群落变化的研究结果说明,小麦-玉米体系中微生物群落变化与作物栽培及生育期等因素有密切的关系。根际土壤微生物是导致轮作与连作对植株生长发育影响的最主要因素。合理轮作可有效改善土壤微生物菌群结构和丰富度,有利于提高土壤微生物群落的多样性和稳定性、改善土壤肥力、提高产量、改善品质、减少作物病虫害的发生^[18-21]。然而对我国北方小麦/玉米常年轮作田根际微生物的深入研究很少。

本试验利用 Illumina-MiSeq 高通量测序技术,研究小麦/玉米根际土壤微生物多样性。本研究通过细菌 16S rRNA 基因和真菌 rDNA ITS 基因测序分析小麦/玉米根际土壤微生物多样性,并预测潜在功能,对深入了解轮作制度下微生物与植物生长之间的密切联系、减少传统农药使用、改善农业环境、指导小麦/玉米轮作种植管理具有重要意义。

1 材料与amp;方法

1.1 土壤采样和土壤样品处理

取样地点位于山西省农业科学院小麦研究所

洪堡国家试验基地, 作物种植模式为常年小麦/玉米轮作, 土壤类型为石灰性褐土。属暖温带大陆半干旱季风气候, 年平均气温 9–13 °C, 年平均降水量 494.19 mm, 无霜期 197 d。小麦根际土壤和玉米根际土壤采样时间分别为 2019 年 6 月 3 日和 2019 年 9 月 26 日, 采样方法为“五点取样法”, 使用酒精消毒过的干净铁锹或小铲沿植物外 10 cm 周围往下挖 20 cm 深度的土壤, 去掉地表大块砂石和其他杂物, 3 次重复。装入自封袋中贴上标签, 封口, 同时在塑料封口袋上写清采样编号, 带回实验室, 筛去土壤中细小的枯落物和石块, 在 -20 °C 冰箱保存。将混合均匀的土壤样品送上海美吉生物医药科技有限公司进行高通量测序, 并分析小麦/玉米根际土壤微生物多样性。

1.2 DNA 提取、PCR 扩增和 Illumina MiSeq 测序

分别取小麦、玉米根际土样, 采用 CTAB 法提取土壤总 DNA, 利用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 质量, 用 NanoDrop ND-2000 超微量核酸蛋白测定仪分析抽提 DNA 浓度和纯度。选取完整且质量较好的材料用于后续分析。

以制备好的 DNA 为模板, 细菌以细菌通用引物(V3–V4) 338F (5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCA G-3')和 806R (5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3')为引物, 真菌用真菌通用引物 ITS1F (5'-CTTGGTC ATTTAGAGGAAGTAA-3')和 ITS2R (5'-GCTGCG TTCTTCATCGATGC-3')为引物。采用扩增试剂盒 KT121221 进行 PCR, PCR 反应体系(25 μ L): 预混料 12.5 μ L, 正、反向引物(10 μ mol/L)各 1 μ L, DNA 模板(大约 20 ng 的 DNA) 1 μ L。PCR 反应条件: 95 °C 3 min; 95 °C 30 s, 55 °C 30 s, 72 °C 30 s, 25 个循环; 72 °C 10 min。PCR 产物经 2% 琼脂糖凝胶电泳检测, 使用 AxyPrepDNA 凝胶回收试剂盒切胶回收 PCR 产物, QuantiFluorTM-ST 蓝色荧光定量系统进行定量。MiSeq 文库构建和测序均在上海美吉生物医药科技有限公司进行, 测序平台为 Illumina MiSeq PE300。

1.3 序列处理与分析

测序后获得原始数据, 使用 Trimmomatic 和 FLASH 软件对测序数据进行优化, 通过质量控制和序列质量过滤获得高质量的序列。使用 UPARSE 对 OTU 进行聚类, 并采用 RDP Classifier 贝叶斯算法对相似性为 97% 的非重复序列进行物种分类学分析。利用 QIIME 生成各种分类学丰富度表及进行 α 多样性距离计算。丰富度和多样性指数根据 Mothur 生成, 包括 ACE 指数、Chao1 指数、Shannon 指数和覆盖度。利用 R 语言软件制作稀释曲线图、群落结构组分图。使用 Venn Diagram 绘制 Venn 图分析处理过程中共有 OTU 和特有 OTU。使用 Tax4Fun 对序列进行 KEGG 功能预测。

1.4 数据上传

小麦/玉米根际微生物测序原始数据上传至 NCBI SRA 中, 登录号为 SUB9894381。

2 结果与分析

2.1 土壤微生物种类及多样性分析

利用 MiSeq 平台对采集的样品进行高通量测序, 小麦季和玉米季的细菌和真菌所有样本的覆盖率均在 98.39% 以上(表 1), 并且每个样本的稀释曲线已接近饱和(图 1), 表明测序深度已达到饱和, 结果能真实反映样本条件。小麦/玉米根际土壤样品多样性指数分析显示, 玉米季 ACE 指数和 Chao1 指数均高于小麦季, 表明玉米季根际土壤细菌和真菌丰富度高于小麦季。玉米季和小麦季 Shannon 指数无明显差异, 表明玉米季根际土壤细菌和真菌多样性与小麦季相似。结果表明玉米季 ACE 指数和 Chao1 指数均大于小麦季, 而 Shannon 指数在玉米季和小麦季无明显变化, 表明玉米季微生物丰富度大于小麦季, 而微生物多样性在小麦季与玉米季相似。

测序结果(表 2)表明, 根际土壤细菌和真菌 OTU 在玉米季高于小麦季。小麦季根际土壤共获得 1 100 个细菌 OTU, 鉴定出细菌 23 门 53 纲 100 目 187 科 314 属 566 种; 共获得 542 个真菌 OTU,

表 1 小麦/玉米土壤根际样品多样性指数

Table 1 Diversity index of wheat/maize rhizosphere samples

微生物 Microorganism	物种 Species	ACE index	Chao1 index	Coverage (%)	Shannon index
细菌 Bacteria	小麦 Wheat	1 300 (1 223, 1 376)	1 303 (1 220, 1 387)	98.436 7	6.22 (6.06, 6.32)
	玉米 Maize	1 338 (1 326, 1 348)	1 341 (1 336, 1 346)	98.398 9	6.24 (6.12, 6.30)
真菌 Fungus	小麦 Wheat	537 (510, 573)	533 (496, 573)	99.838 1	4.03 (3.69, 4.43)
	玉米 Maize	548 (534, 562)	546 (543, 552)	99.827 2	4.04 (3.92, 4.12)

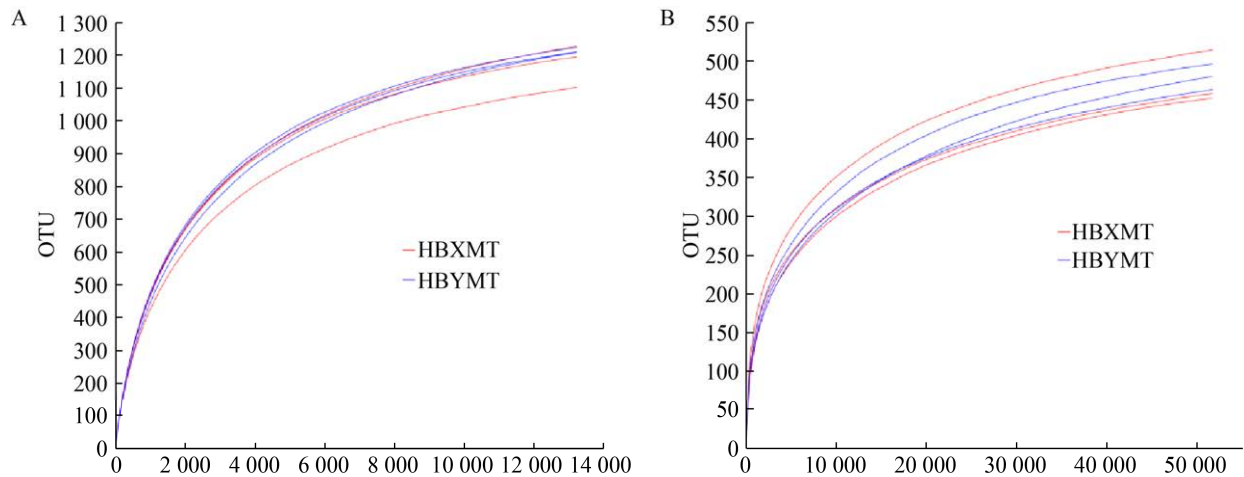


图 1 土壤细菌(A)和真菌(B)稀释曲线

Figure 1 Rarefaction curve of soil bacteria (A) and fungus (B)

表 2 小麦/玉米植物根际土壤微生物种类统计

Table 2 Statistics of microbial species in rhizosphere soil of wheat/maize

物种 Species	微生物 Microorganism	门 Phylum	纲 Class	目 Order	科 Family	属 Genus	种 Species	OTU
小麦 Wheat	细菌 Bacteria	23	53	100	187	314	566	1 100
	真菌 Fungus	5	19	51	98	182	285	542
玉米 Maize	细菌 Bacteria	27	57	114	203	332	621	1 397
	真菌 Fungus	5	20	50	102	173	269	579

鉴定出真菌 5 门 19 纲 51 目 98 科 182 属 285 种。玉米季根际土壤共获得 1 397 个细菌 OTU, 鉴定出细菌 27 门 57 纲 114 目 203 科 332 属 621 种; 共获得 579 个真菌 OTU, 鉴定出真菌 5 门 20 纲 50 目 102 科 173 属 269 种。

2.2 小麦/玉米根际土壤细菌和真菌群落组成

微生物群落结构分析表明, 在门水平(图 2), 放线菌门(*Actinobacteria*)、变形菌门(*Proteobacteria*)、酸杆菌门(*Acidobacteria*)和绿弯菌门(*Chloroflexi*)为小麦季和玉米季根际土壤的优势细菌门。小麦季

根际土壤放线菌门(*Actinobacteria*)、厚壁菌门(*Firmicutes*)和拟杆菌门(*Bacteroidetes*)的相对丰富度高于玉米季; 而酸杆菌门(*Acidobacteria*)、芽殖单胞菌门(*Gemmatimonadetes*)和绿弯菌门(*Chloroflexi*)在小麦季相对丰富度低于玉米季。小麦季和玉米季根际土壤的优势真菌门为子囊菌门(*Ascomycota*), 相对丰富度占 80% 以上。玉米季子囊菌门(*Ascomycota*)的相对丰富度低于小麦季; 而接合菌门(*Zygomycota*)和担子菌门(*Basidiomycota*)相对丰富度在玉米季高于小麦季。

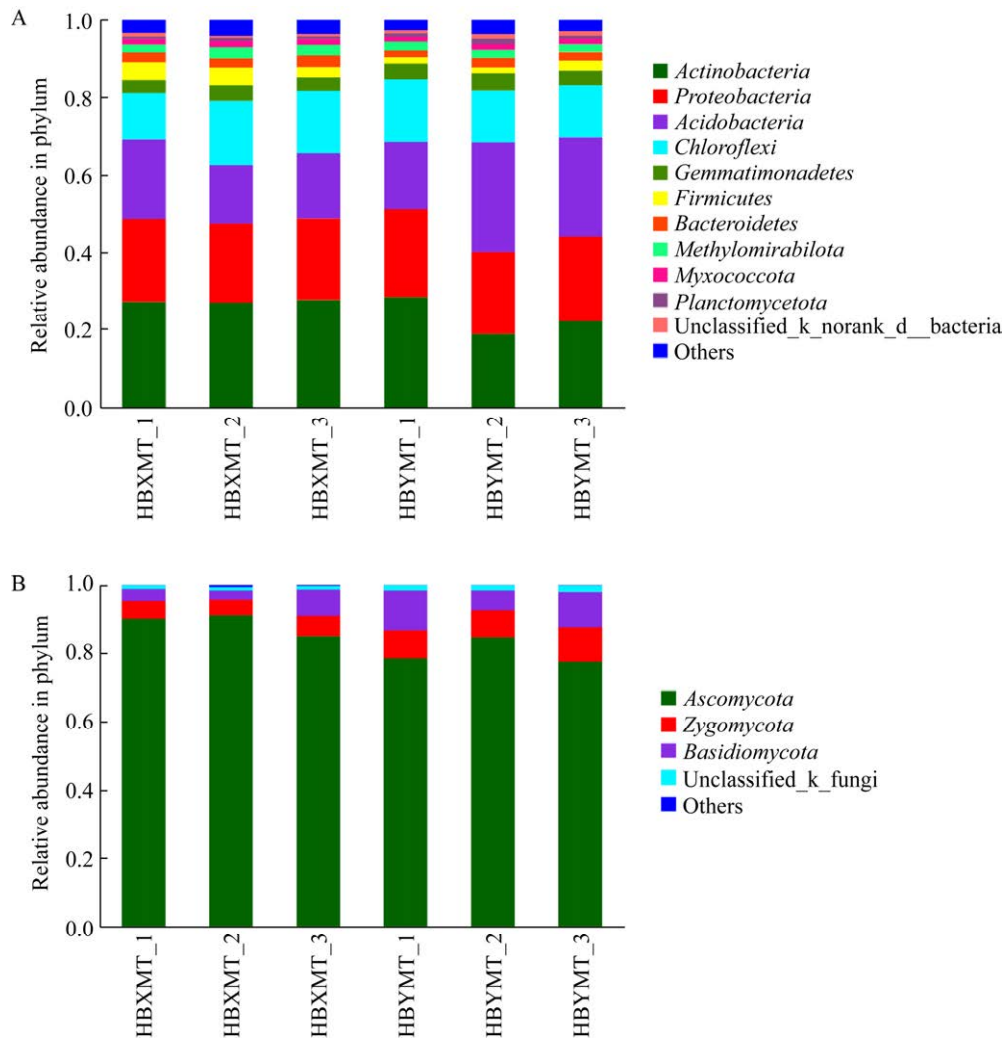


图2 小麦/玉米根际土壤细菌(A)和真菌(B)在门水平的丰富度

Figure 2 Abundance of the bacteria (A) and fungus (B) in the rhizosphere soil of wheat/maize at phyla level

在属水平(图3),小麦季和玉米季根际土壤细菌和真菌含量差异显著。检测到31个主要细菌属(相对丰富度均大于1%), Norank_f_Vicinamibacteraceae、Norank_f_Norank_o_Vicinamibacterales、Norank_f_Norank_o_Norank_c_KD9-96、Norank_f_JD30-KF-CM45、Norank_f_Gemmatimonadaceae、RB41、芽孢杆菌属(*Bacillus*)、类诺卡氏菌属(*Nocardioides*)和鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)为小麦季和玉米季根际土壤优势细菌属。其中,玉米季芽孢杆菌属(*Bacillus*)和类诺卡氏菌属(*Nocardioides*)相对丰

度低于小麦季,其余细菌属玉米季的相对丰富度均高于小麦季。毛壳菌属(*Chaetomium*)、假阿利什霉属(*Pseudallescheria*)、被孢霉属(*Mortierella*)、隐球酵母属(*Cryptococcus*)、篮状菌属(*Talaromyces*)、赤霉菌属(*Gibberella*)、腐殖霉属(*Humicola*)、镰刀菌属(*Fusarium*)为优势真菌属。其中,玉米季根际土壤毛壳菌属(*Chaetomium*)、被孢霉属(*Mortierella*)、隐球酵母属(*Cryptococcus*)、篮状菌属(*Talaromyces*)和腐殖霉属(*Humicola*)相对丰富度高于小麦季;而假阿利什霉属(*Pseudallescheria*)、

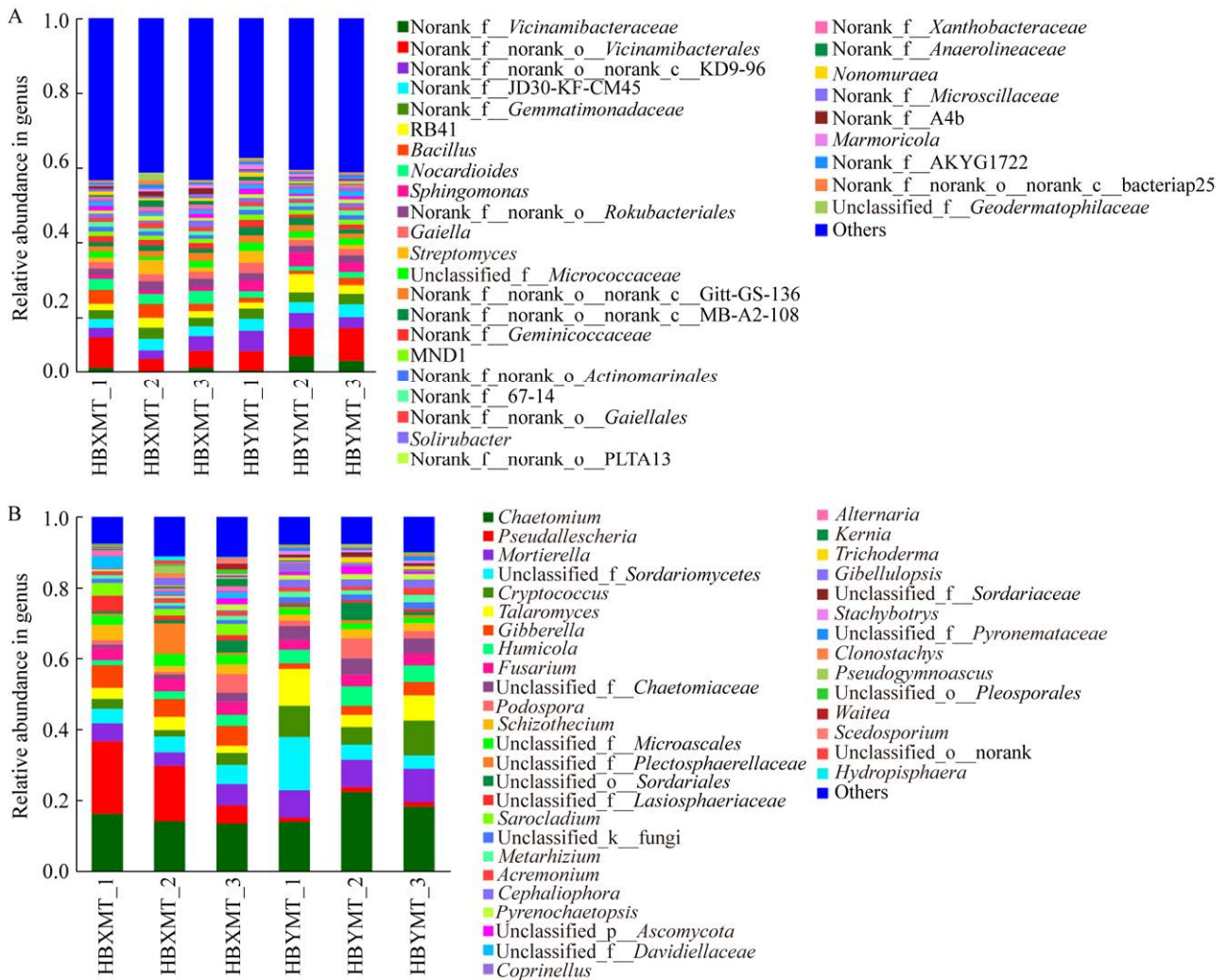


图3 小麦/玉米根际土壤细菌(A)和真菌(B)属的丰富度

Figure 3 Abundance of the bacteria (A) and fungus (B) genus in the rhizosphere soil of wheat/maize

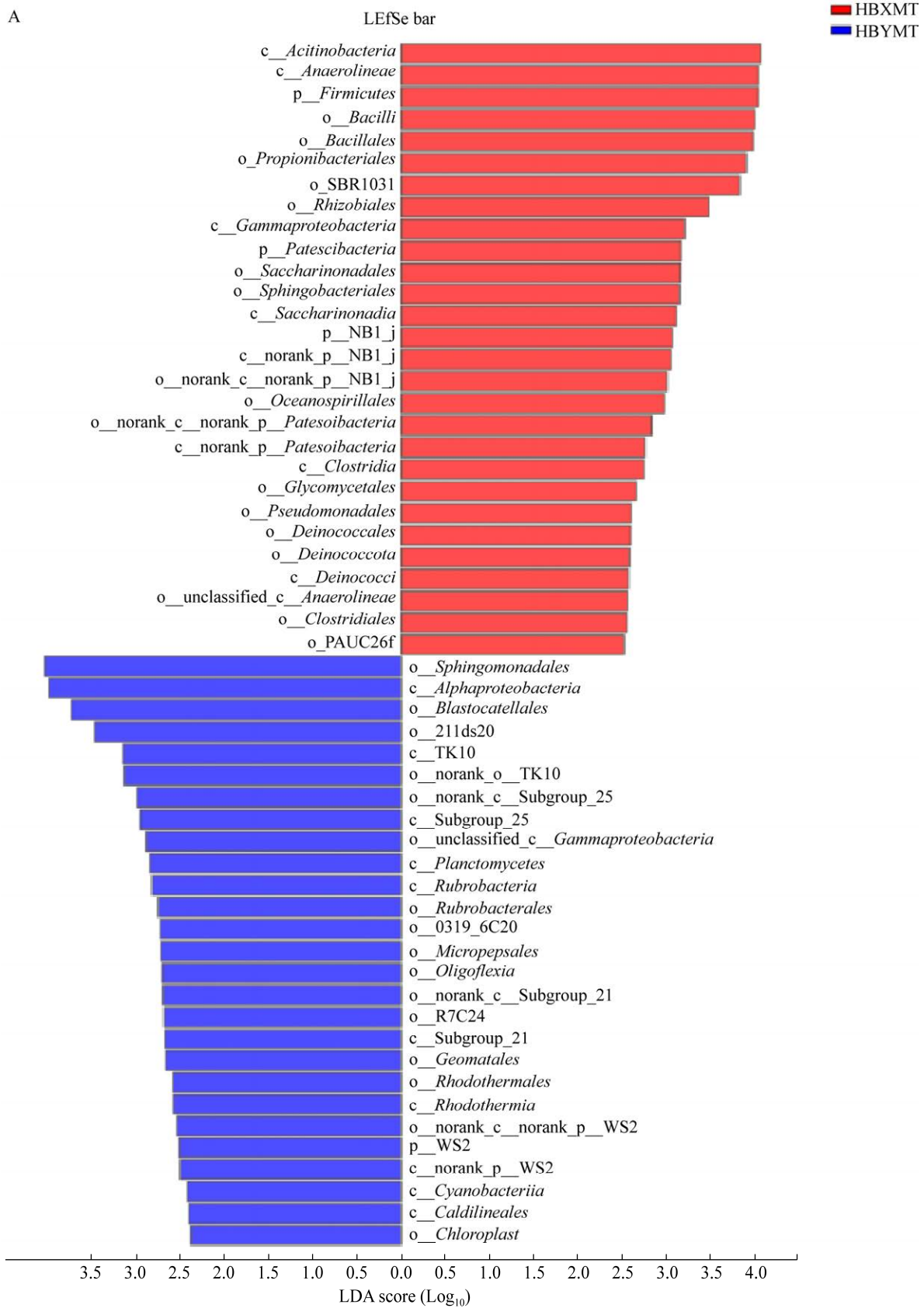
赤霉菌属(*Gibberella*)和镰刀菌属(*Fusarium*)小麦季相对丰度高于玉米季。

利用 LEfSe 差异分析根际土壤微生物(LDA 阈值为 2)发现, 小麦季细菌(图 4A)放线菌纲(*Actinobacteria*)、*Anaerolineae* 和厚壁菌门(*Firmicutes*)显著富集, 另外, 玉米季鞘脂单胞菌目(*Sphingomonadales*)、 α -变形菌纲(*Alphaproteobacteria*)、囊胚链目(*Blastocatellales*)富集。小麦季/玉米季真菌进行 LEfSe 分析(图 4B), 小麦季样本微囊菌目(*Microascales*)和粪壳菌纲(*Sordariomycetes*)显著富集, 而玉米季富集的样本包括银耳纲

(*Tremellomycetes*)、银耳目(*Tremellales*)、接合菌门(*Zygomycota*)和被孢霉目(*Mortierellales*)。

2.3 小麦/玉米根际土壤微生物种水平分析

小麦季、玉米季根际土壤微生物在种水平分析(图 5), 鉴定出小麦季和玉米季分别有 669 种和 656 种根际细菌, 其中两者共有根际细菌 631 种, 小麦季有 38 个特有种, 包括嗜根寡养单胞菌(*Stenotrophomonas rhizophila*)和黄色土源菌(*Flavisolibacter tropicus*)等; 玉米季有 25 个特有种, 包括噬菌蛭弧菌(*Bdellovibrio bacteriovorus*)和格氏糖多孢菌(*Saccharopolyspora gregorii*)等。小麦



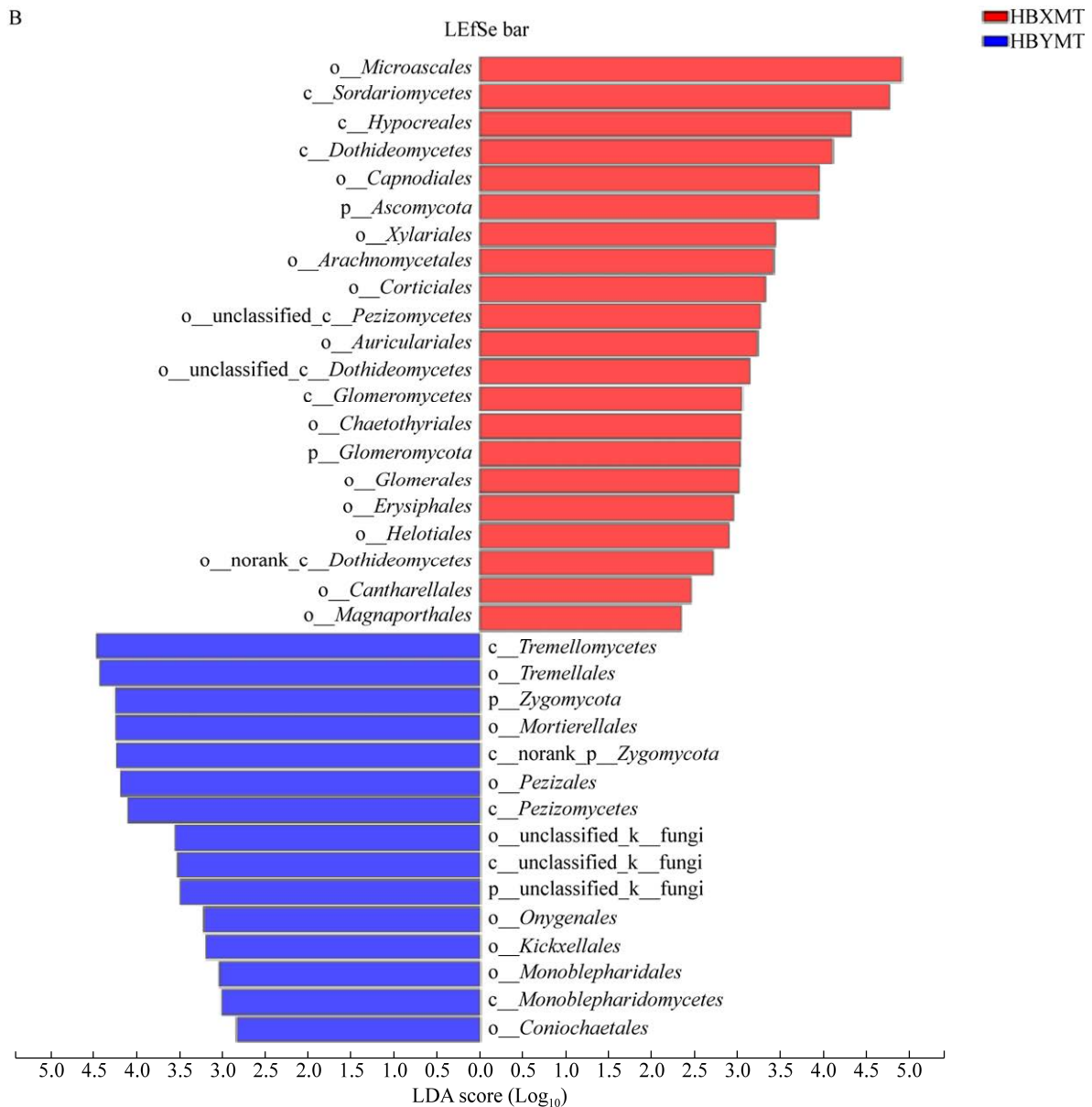


图4 小麦/玉米根际土壤微生物 LDA 判别柱形图

Figure 4 LDA discriminant histogram of microorganisms in wheat/maize rhizosphere soil

季和玉米季分别有 319 种和 300 种根际真菌, 其中两者共有根际真菌有 261 种, 小麦季有 58 个特有种, 包括产黄青霉(*Penicillium chrysogenum*)和绳生毛壳菌(*Chaetomium funicola*)等; 玉米季有 39 个特有种, 包括棒曲霉(*Aspergillus clavatus*)和土曲霉(*Aspergillus terreus*)等。

2.4 小麦季/玉米季微生物代谢功能不同

使用 Tax4Fun 对小麦/玉米根际微生物群落的

潜在功能进行预测, 发现一些代谢通路在小麦季和玉米季有所差异(表 3)。与小麦季相比, 玉米季果糖和甘露糖代谢、磷酸肌醇代谢、卟啉和叶绿素代谢、氧化磷酸化、ABC 运输等过程有较高的丰富度。小麦季 KEGG 通路中嘌呤代谢、嘧啶代谢、半胱氨酸和甲硫氨酸代谢、淀粉和蔗糖代谢、氨基糖和核苷酸糖代谢、肽聚糖生物合成、核苷酸切除修复、其他聚糖降解及同源重组等丰富度较高。

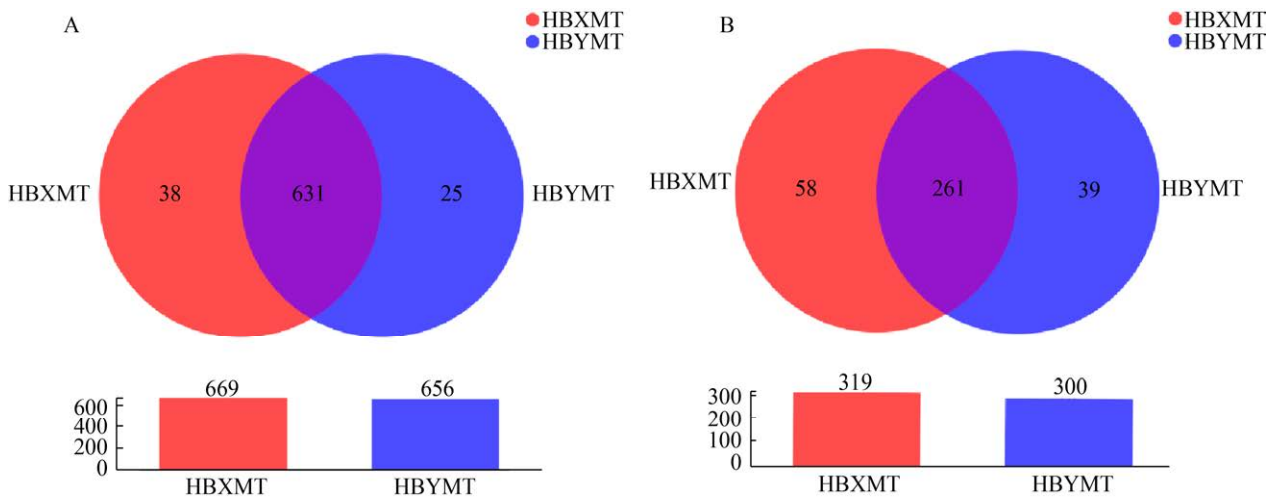


图 5 小麦/玉米根际土壤细菌(A)和真菌(B)种水平分析

Figure 5 Analysis of bacteria (A) and fungus (B) in wheat/maize rhizosphere soil at species level

表 3 小麦/玉米根际土壤微生物 KEGG 功能注释

Table 3 Functional annotation of KEGG in rhizosphere soil microorganisms of wheat/maize

代谢功能 Metabolic function	HBXMT-1 (%)	HBXMT-2 (%)	HBXMT-3 (%)	HBYMT-1 (%)	HBYMT-2 (%)	HBYMT-3 (%)
ABC 运输 ABC transporters	10.02	10.47	9.75	11.47	11.55	11.31
氮代谢 Nitrogen metabolism	1.78	1.79	1.87	2.08	2.08	2.01
卟啉与叶绿素代谢 Porphyrin and chlorophyll metabolism	1.93	2.02	1.92	2.17	2.19	2.12
肽聚糖生物合成 Peptidoglycan biosynthesis	1.53	1.51	1.48	1.36	1.35	1.39
淀粉和蔗糖代谢 Starch and sucrose metabolism	1.51	1.45	1.54	1.12	1.08	1.19
氧化磷酸化 Oxidative phosphorylation	1.80	1.81	1.84	1.91	1.90	1.87
果糖和甘露糖代谢 Fructose and mannose metabolism	1.33	1.36	1.31	1.38	1.39	1.37
嘌呤代谢 Purine metabolism	3.22	3.26	3.22	3.15	3.15	3.16
嘧啶代谢 Pyrimidine metabolism	2.06	2.09	2.01	1.94	1.94	1.96
半胱氨酸和甲硫氨酸代谢 Cysteine and methionine metabolism	1.15	1.13	1.13	1.02	1.00	1.04
磷酸肌醇代谢 Inositol phosphate metabolism	0.36	0.37	0.34	0.38	0.39	0.38
同源重组 Homologous recombination	1.14	1.13	1.16	1.02	1.02	1.04
过氧化物酶体 Peroxisome	0.22	0.22	0.22	0.21	0.21	0.21
其他聚糖降解 Other glycan degradation	0.25	0.26	0.23	0.09	0.10	0.12
氨基糖和核苷酸糖代谢 Amino sugar and nucleotide sugar metabolism	1.65	1.65	1.60	1.47	1.47	1.50
细菌趋化性 Bacterial chemotaxis	0.90	0.94	1.02	0.87	0.85	0.89
核苷酸切除修复 Nucleotide excision repair	0.95	0.95	0.94	0.89	0.88	0.89

注：“-1, -2 和 -3”代表 3 个重复

Note: “-1, -2 and -3” represents three repetitions

玉米季有关养分循环的代谢通路丰富度较高,如氮代谢和氧化磷酸化等。同时参与氧化应激的代谢通路丰富度较低,如半胱氨酸和甲硫氨酸代谢、过氧化物酶体等。

3 讨论与结论

根际微生物群落对植物的健康和生产力至关重要,因此在影响植物生长和健康方面根际微生物群落被广泛研究。本研究对小麦/玉米根际土壤细菌和真菌群落 α 多样性分析表明,小麦季和玉米季微生物种类、数量、丰富度等方面存在一定差异。玉米季 ACE 指数、Chao1 指数均高于小麦季,而 Shannon 指数在两季则无明显差异,说明玉米季微生物丰富度高于小麦季,而两季微生物多样性相似。

本研究分析小麦季和玉米季根际微生物群落组成变化表明,在门水平,放线菌门(*Actinobacteria*)、变形菌门(*Proteobacteria*)、酸杆菌门(*Acidobacteria*)和绿弯菌门(*Chloroflexi*)为小麦季和玉米季根际土壤的优势细菌门,子囊菌门(*Ascomycota*)为优势真菌门。研究表明,根际土壤细菌优势门为变形菌门、绿弯菌门、酸杆菌门、放线菌门、芽单胞菌门^[22],优势真菌门为子囊菌门和担子菌门^[22-24]。通过 LEfSe 分析根际土壤的细菌和真菌发现,放线菌纲(*Actinobacteria*)和微囊菌目(*Microascales*)在小麦季富集,鞘脂单胞菌目(*Sphingomonadales*)和银耳纲(*Tremellomycetes*)在玉米季富集。

本研究在种水平分析发现,洪堡国家试验基地土壤中含有嗜根寡养单胞菌、噬菌蛭弧菌、土曲霉等。嗜根寡养单胞菌可以提高根际土壤中硝态氮与磷等元素的含量,改良根际土壤的理化性质,并且提高植物中氮元素的含量。噬菌蛭弧菌是寄生于其他细菌并能导致其裂解的一类革兰氏阴性菌,长期使用抗生素影响其生长并导致药物残留,而噬菌蛭弧菌能克服以上缺点,做到无毒害、无残留和作用时间长等。吕恒等^[25]通过研究根际真菌对土传病

害的抑制作用发现土曲霉是土壤中抑制土传病害的重要因素。因此,本实验基地小麦/玉米轮作土壤中的微生物资源丰富,值得进一步深入挖掘。

为揭示微生物群落潜在功能,本研究对小麦季和玉米季根际土壤微生物进行 KEGG 代谢功能预测发现,小麦季和玉米季代谢通路有所差异。其中,小麦季根际微生物具有相对丰富的能量代谢通路,如淀粉和蔗糖代谢及各种糖降解途径。同时,观察到小麦季细菌趋化和核苷酸切除与修复功能等也较高,这些功能与植株根际竞争力有关。然而,玉米季有关养分循环的代谢通路丰度较高,同时参与氧化应激的代谢通路丰度较低。Li 等^[26]运用高通量测序技术,研究了耕作历史对植物(花生)代谢过程的影响,结果表明连坐对植物代谢过程产生影响,如使营养物质代谢和植物激素生物合成功能衰退。唐婧 等^[27]基于高通量测序分析白云岩喀斯特土壤微生物多样性,结果表明在白云岩科斯特地区存在微生物携带大量与代谢有关的基因,并且土壤环境因子与代谢通路间存在相关性。因此,土壤微生物与代谢过程密切相关。本研究对轮作制度下小麦/玉米根际土壤微生物群落结构及微生物潜在功能预测的研究,为未来作物管理和作物微生物管理提供了理论依据。今后将重点深入挖掘和利用长期轮作制度下小麦季、玉米季功能根际微生物。

REFERENCES

- [1] Tan JF, Han YL. High Efficiency Fertilization Theory and Techniques of Wheat-Maize Cropping System in North China[M]. Beijing: China Agricultural University Press, 2012 (in Chinese)
谭金芳,韩燕来. 华北小麦-玉米一体化高效施肥理论与技术[M]. 北京: 中国农业大学出版社, 2012
- [2] Krupinsky JM, Bailey KL, McMullen MP, Gossen BD, Turkington TK. Managing plant disease risk in diversified cropping systems[J]. *Agronomy Journal*, 2002, 94(2): 198-209
- [3] Quan X, Yang YY, Liang J, Yang LR, Wu C, Xue BG. Soil microflora change during integrated protection cultivation of wheat-maize rotation[J]. *Chinese Agricultural Science*

- Bulletin, 2016, 32(12): 132-138 (in Chinese)
全鑫, 杨艳艳, 梁娟, 杨丽荣, 武超, 薛保国. 小麦-玉米轮作一体化保护栽培期间土壤微生物群落变化[J]. 中国农学通报, 2016, 32(12): 132-138
- [4] Yusuf AA, Abaidoo RC, Iwuofor ENO, Olufajo OO, Sanginga N. Rotation effects of grain legumes and fallow on maize yield, microbial biomass and chemical properties of an Alfisol in the Nigerian savanna[J]. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 2009, 129(1/2/3): 325-331
- [5] Bi JT, He DH. Research advances in effects of plant on soil microbial diversity[J]. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2009, 25(9): 244-250 (in Chinese)
毕江涛, 贺达汉. 植物对土壤微生物多样性的影响研究进展[J]. 中国农学通报, 2009, 25(9): 244-250
- [6] Li H, Ge WJ, Ma XX, Li QH, Ren WD, Yang XY, Zhang SL. Effects of long-term fertilization on carbon and nitrogen and enzyme activities of soil microbial biomass under winter wheat and summer maize rotation system[J]. *Plant Nutrition and Fertilizer Science*, 2011, 17(5): 1140-1146 (in Chinese)
李花, 葛玮健, 马晓霞, 黎青慧, 任卫东, 杨学云, 张树兰. 小麦-玉米轮作体系长期施肥对(土委)土微生物量碳、氮及酶活性的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 2011, 17(5): 1140-1146
- [7] Lennon JT, Jones SE. Microbial seed banks: the ecological and evolutionary implications of dormancy[J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2011, 9(2): 119-130
- [8] Sun L, Gao JS, Huang T, Kendall JRA, Shen QR, Zhang RF. Parental material and cultivation determine soil bacterial community structure and fertility[J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2015, 91(1): 1-10
- [9] Beckers B, Op De Beeck M, Weyens N, Boerjan W, Vangronsveld J. Structural variability and niche differentiation in the rhizosphere and endosphere bacterial microbiome of field-grown poplar trees[J]. *Microbiome*, 2017, 5(1): 25
- [10] Blagodatskaya E, Kuzyakov Y. Active microorganisms in soil: critical review of estimation criteria and approaches[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2013, 67: 192-211
- [11] Berendsen RL, Pieterse CMJ, Bakker PAHM. The rhizosphere microbiome and plant health[J]. *Trends in Plant Science*, 2012, 17(8): 478-486
- [12] Bron PA, Van Baarlen P, Kleerebezem M. Emerging molecular insights into the interaction between probiotics and the host intestinal mucosa[J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2012, 10(1): 66-78
- [13] Jin Z. The activities of the rhizosphere soil culturable microbial and soil nutrient under potato continuous and rotation system[D]. Hohhot: Master's Thesis of Inner Mongolia Agricultural University, 2012 (in Chinese)
今芝. 连作、轮作马铃薯对根际土壤微生物数量及土壤养分的影响[D]. 呼和浩特: 内蒙古农业大学硕士学位论文, 2012
- [14] Li ZQ, Tan ZJ, Xia HA. Effects of tillage system on soil microflora[J]. *Hunan Agricultural Sciences*, 2001(2): 24-25 (in Chinese)
李仲强, 谭周进, 夏海鳌. 耕作制度对土壤微生物区系的影响[J]. 湖南农业科学, 2001(2): 24-25
- [15] Gao XJ, Zhang RZ, Yang ZD. Effects of different tillage practices on the dynamics of soil enzyme activities in dryland[J]. *Chinese Journal of Soil Science*, 2008, 39(5): 1012-1016 (in Chinese)
高秀君, 张仁陟, 杨招弟. 不同耕作方式对旱地土壤酶活性动态的影响[J]. 土壤通报, 2008, 39(5): 1012-1016
- [16] Wang F, Chen JS, Liu DW. Bacterial diversity of soybean rhizosphere soil under different cropping patterns[J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2018, 44(10): 1539-1547 (in Chinese)
王芳, 陈井生, 刘大伟. 不同种植方式大豆根际土壤细菌多样性分析[J]. 作物学报, 2018, 44(10): 1539-1547
- [17] Wang SN. The allelopathic mechanism of crop rotation on alleviating muskmelon continuous cropping obstacle[D]. Shenyang: Doctoral Dissertation of Shenyang Agricultural University, 2017 (in Chinese)
王素娜. 轮作缓解甜瓜连作障碍的机理研究[D]. 沈阳: 沈阳农业大学博士学位论文, 2017
- [18] Jiang XD, Li ZJ, Hou LT, Wang Y, Wang X, Yan H. Impacts of minimum tillage and no-tillage systems on soil NO₃⁻-N content and water use efficiency of winter wheat/summer corn cultivation[J]. *Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering*, 2005, 21(7): 20-24 (in Chinese)
江晓东, 李增嘉, 侯连涛, 王芸, 王雪, 颜红. 少免耕对灌溉农田冬小麦/夏玉米作物水、肥利用的影响[J]. 农业工程学报, 2005, 21(7): 20-24
- [19] Fierer N, Lauber CL, Ramirez KS, Zaneveld J, Bradford MA, Knight R. Comparative metagenomic, phylogenetic and physiological analyses of soil microbial communities across nitrogen gradients[J]. *The ISME Journal*, 2012, 6(5): 1007-1017
- [20] Contreras-Cornejo HA, Macías-Rodríguez L, Vergara AG, López-Bucio J. Trichoderma modulates stomatal aperture and leaf transpiration through an abscisic acid-dependent mechanism in *Arabidopsis*[J]. *Journal of Plant Growth Regulation*, 2015, 34(2): 425-432
- [21] Dutta J, Thakur D. Evaluation of multifarious plant growth promoting traits, antagonistic potential and phylogenetic affiliation of rhizobacteria associated with commercial tea plants grown in Darjeeling, India[J]. *PLoS One*, 2017, 12(8): e0182302
- [22] Zhang H, Ma LJ, Hang XN, Zhu JS, Lu WC, Liao DX. Changes of soil bacterial and fungal diversity in paddy soils

- under different rotation patterns[J]. *Jiangsu Journal of Agricultural Sciences*, 2018, 34(4): 804-810 (in Chinese)
- 张慧, 马连杰, 杭晓宁, 朱金山, 卢文才, 廖敦秀. 不同轮作模式下稻田土壤细菌和真菌多样性变化[J]. *江苏农业学报*, 2018, 34(4): 804-810
- [23] Qin SJ, Lü DG, Li ZX, Liu LZ, Liu GC, Ma HY. Analysis of the bacterial community structures diversity in rhizosphere of *Cerasus sachalinensis* kom[J]. *Journal of Jilin Agricultural University*, 2011, 33(6): 643-648 (in Chinese)
- 秦嗣军, 吕德国, 李志霞, 刘灵芝, 刘国成, 马怀宇. 东北山樱根际细菌群落结构多样性分析[J]. *吉林农业大学学报*, 2011, 33(6): 643-648
- [24] Chen SM, Waghmode TR, Sun RB, Kuramae EE, Hu CS, Liu BB. Root-associated microbiomes of wheat under the combined effect of plant development and nitrogen fertilization[J]. *Microbiome*, 2019, 7(1): 1-13
- [25] Lyu H, Niu YC, Deng H, Lin XM, Jin CL. Suppression of three soil-borne diseases of cucumber by a rhizosphere fungal strain[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2015, 26(12): 3759-3765 (in Chinese)
- 吕恒, 牛永春, 邓晖, 林晓民, 金春丽. 根际真菌对黄瓜土传病害的抑制作用[J]. *应用生态学报*, 2015, 26(12): 3759-3765
- [26] Li XG, Jousset A, De Boer W, Carrión VJ, Zhang TL, Wang XX, Kuramae EE. Legacy of land use history determines reprogramming of plant physiology by soil microbiome[J]. *The ISME Journal*, 2019, 13(3): 738-751
- [27] Tang J, Li YK, He XZ, Tang XX. The diversity analysis of soil microbial community based on the high throughput sequencing under the Dolomite Karst rocky desertification environment[J]. *Journal of Guizhou Normal University: Natural Sciences*, 2020, 38(5): 20-28 (in Chinese)
- 唐婧, 李欲轲, 何馨竹, 汤晓辛. 基于高通量测序分析白云岩喀斯特土壤微生物多样性[J]. *贵州师范大学学报(自然科学版)*, 2020, 38(5): 20-28