

冯 翠, 衣政伟, 钱 巍, 等. 不同种植模式下番茄根际土壤养分和真菌多样性分析[J]. 江苏农业学报, 2022, 38(2): 462-468.
doi: 10.3969/j.issn.1000-4440.2022.02.021

不同种植模式下番茄根际土壤养分和真菌多样性分析

冯 翠¹, 衣政伟¹, 钱 巍¹, 姜小三², 刘慧颖¹, 李成忠³

(1.江苏省农业科学院泰州农科所, 江苏 泰州 225300; 2.南京农业大学资源与环境学院, 江苏 南京 210095; 3.江苏农牧科技职业学院, 江苏 泰州 225300)

摘要: 为探究番茄与不同作物轮作后其土壤理化性质及真菌组成的差异, 明确番茄土传病害发生的原因, 在连种 2 茬番茄后设置番茄-番茄连作、茄子-番茄轮作、慈姑-番茄轮作 3 种处理, 分析土壤养分及根际土壤真菌的多样性。结果表明, 不同种植模式间的土壤养分含量明显不同。轮作降低了番茄根际土壤有机质和全氮含量, 极显著提高了土壤有效磷含量、有效钾含量和缓效钾含量, 提高了真菌的丰富度和多样性。子囊菌门(Ascomycota)、担子菌门(Basidiomycota)和被孢霉门(Mortierellomycota)为优势菌群, 其中 2 种轮作模式间的真菌属组成最为相似, 均含有被孢霉属(*Mortierella*)、木霉属(*Trichoderma*)等抑制土传病害发生的生防真菌。相关性分析结果显示, 土壤 pH 值与 Chao1 指数呈正相关, Shannon 指数和 Simpson 指数与土壤 pH 值、有机质含量、全氮含量呈负相关, 与土壤有效磷含量、有效钾含量和缓效钾含量均呈正相关。综上所述, 轮作能改善土壤肥力, 提高土壤真菌群落多样性, 维持土壤菌群结构的平衡; 土壤 pH 值对真菌群落的组成影响较小, 土壤含氮量较高, 导致土壤真菌多样性降低。慈姑-番茄轮作是减缓番茄土传病害发生的有效方式之一, 具有较好的应用前景。

关键词: 番茄; 真菌多样性; 土壤养分; 相关性分析; 土传病害

中图分类号: S641.2 文献标识码: A 文章编号: 1000-4440(2022)02-0462-07

Analysis on nutrients and fungal diversity of rhizosphere soil of tomatoes under different cropping patterns

FENG Cui¹, YI Zheng-wei¹, QIAN Wei¹, JIANG Xiao-san², LIU Hui-ying¹, LI Cheng-zhong³

(1. Taizhou Institute of Agricultural Sciences, Jiangsu Academy of Agricultural Sciences, Taizhou 225300, China; 2. College of Resources and Environmental Sciences, Nanjing Agricultural University, Nanjing 210095, China; 3. Jiangsu Agri-animal Husbandry Vocational College, Taizhou 225300, China)

Abstract: The aim of the study was to investigate the difference of physical and chemical properties and fungus component of rhizosphere soils of tomatoes after rotation with different crops, and identify the causes of soil-borne diseases of tomatoes. Three treatments including continuous cropping tomatoes, eggplant-tomato rotated cropping and arrowhead-tomato rotated cropping were set after continuous cropping of tomatoes for two seasons. Soil nutrients and diversity of fungi in the rhizosphere soils were analyzed. The results showed that, there were obvious differences in soil nutrient contents among different cropping patterns. Compared with continuous cropping, contents of organic matter and nitrogen in tomato rhizosphere soils decreased, while contents of available phosphorus (P), available potassium (K) and slowly available K in the soils increased extremely significantly, and the richness and diversity of the soil fungi increased. Ascomycota, Basidiomycota and

Mortierellomycota were the dominant phyla of all cropping patterns. The genus composition of fungi between two rotation patterns was the most similar, containing biocontrol fungi such as *Mortierella* and *Trichoderma* which could inhibit soil-borne diseases. Results of correlation analysis showed that, soil pH value was positively correlated with Chao1 index, while Shannon index and Simpson index

收稿日期: 2021-08-08

基金项目: 泰州市科技支撑计划(农业)项目(TN201923); 江苏省“青蓝工程”优秀教学团队项目[苏教师函(2020)10号]

作者简介: 冯 翠(1985-), 女, 山东枣庄人, 硕士, 助理研究员, 主要从事蔬菜栽培及土壤微生物研究。(E-mail) mxaq007@163.com

通讯作者: 李成忠, (E-mail) czli@jsahvc.edu.cn

were negatively correlated with soil pH value, organic matter content and total nitrogen content, and were positively correlated with soil available P content, available K content and slowly available K content. In conclusion, crop rotation could improve soil fertility, increase the community diversity of soil fungi and maintain the balance of soil microbial community structure. Soil pH value had little effect on fungal community composition, and nitrogen content in the soil was high, which caused reduction of fungal community diversity. Arrowhead-tomato rotation is one of the effective ways in slowing down the occurrence of soil-borne diseases of tomatoes, which has a good application prospect.

Key words: tomato; fungal diversity; soil nutrients; correlation analysis; soil-borne disease

番茄保健功能多、经济效益高,在中国设施蔬菜中种植面积较大,逐渐成为世界上受欢迎并被广泛食用的蔬菜之一^[1]。近年来,番茄连作在生产中越来越常见,连作会影响土壤理化性状和微生物系统的平衡^[2],进而导致土壤中的有益和有害菌落比例失衡^[3],引起真菌病害的发生,如尖孢镰刀菌(*Fusarium oxysporum*)会导致枯萎病,轮枝孢菌(*Verticillium*)会引起黄萎病的发生等。轮作是减少土传病害发生的有效方法之一。有研究者指出,番茄轮作茄子、大白菜和西葫芦,能提高土壤中亚硝化螺菌属(*Nitrosospiira*)、亚硝化球菌属(*Nitrococcus*)等有益细菌的丰度,提高土壤中过氧化氢酶的活性^[4],番茄-水稻轮作后显著降低潜在致病性真菌镰刀菌属的含量^[5]。已有的报道中,番茄多与旱生蔬菜或水稻轮作,与水生蔬菜轮作的研究不多。慈姑是里下河地区的特色水生蔬菜,含有丰富的淀粉、蛋白质及多种维生素等营养成分。慈姑喜水,是水旱轮作作物的较优选择,但目前慈姑与番茄轮作栽培的研究鲜有报道,尤其是轮作后对土壤微生物和理化性质的影响未见报道。

作物根际微生境是土壤环境中活性较强的微生境^[6],其中真菌是土壤微生物环境中重要的物质,其多样性是表现土壤肥力的关键指标之一^[7]。高通量测序技术能较全面、精准地表达土壤菌群结构^[8-9]。为此,本研究用 Illumina MiSeq 高通量测序技术,研究番茄与不同蔬菜轮作对其根际土壤微生物群落组成的影响,探究番茄与同科作物及非同科作物轮作,尤其是与慈姑轮作后番茄土壤微生物菌群结构与土壤养分之间的关系,为深入探讨慈姑-番茄轮作减少土传病害发生的原因及设施番茄可持续健康发展提供理论依据。

1 材料与方 法

1.1 试验地概况

试验在江苏省泰州市农业科学院试验大棚内进

行,土壤 pH 7.8,有机质含量 25.8 g/kg,全氮含量 1.7 g/kg,有效磷含量 16.5 mg/kg,速效钾含量 211 mg/kg,缓效钾含量 505 mg/kg。

1.2 试验材料与 设计

田间试验于 2018 年 7 月-2020 年 7 月开展,前茬作物为丝瓜,2019 年 7 月前连续种植 2 茬番茄,2019 年 8 月-2020 年 1 月为试验蔬菜连(轮)作期,2020 年 3 月-2020 年 7 月为后茬番茄生长期。按常规施肥管理。番茄、茄子和慈姑品种分别为日本粉王、苏崎 4 号、刮老乌。试验设 3 个处理,T1:番茄-番茄连作,T2:茄子-番茄轮作(同科作物轮作),T3:慈姑-番茄轮作(非同科作物轮作)。番茄于 1 月 20 日播种,3 月 15 日定植,5 月底-6 月初陆续采收,7 月上旬采收结束。随机区组排列,3 次重复,每小区面积为 14.4 m²,小区之间设田埂隔离,番茄株距和行距均为 50 cm,生长期统一追肥管理。

番茄全部采收后,各小区随机选 5 株,取完整根部,去除根部周围杂物,将各处理的 3 个小区根际周围土混合后过筛,置于-40 °C 冰箱用于真菌内转录间隔区(ITS)检测分析;另用五点法取样,取 0~20 cm 土层土壤,采用四分法混匀后放置在阴凉地点风干,用于检测土壤理化特征。

1.3 测定项目及 方法

1.3.1 土壤 DNA 提取和 PCR 扩增 土壤真菌总 DNA 分离提取使用 Omega 土壤 DNA 试剂盒(欧米伽生物科技有限公司产品)。使用引物 515F(5'-barcode-GTGCCAGCMGCCGCGG)-3' 和 907R(5'-CCGT-CAATTCMTTTRAGTTT-3'),其中 barcode 是每个样品特有的八碱基序列。对真菌 ITS 区进行 PCR 扩增,从 2% 琼脂糖凝胶中提取纯化 PCR 产物,并使用 QuantiFluor-ST(美国普罗梅加公司产品)进行定量。

1.3.2 文库构建和测序 按照 Illumina 的基因组 DNA 文库制备程序,将合并的 DNA 产品用于构建 Illumina 的双末端文库。在 Illumina HiSeq 平台(Nanjing Gene-

Pioneer Co. Ltd) 上对扩增子文库进行配对末端测序 (2×250)。此过程由南京钟鼎生物技术有限公司完成。

1.3.3 土壤理化特征测定 土壤 pH 值、有机质含量、全氮含量、有效磷含量、有效钾含量和缓效钾含量的测定均参照鲍士旦^[10]的方法进行。

1.4 数据处理与统计分析

真菌 ITS 分类测序数据:对原始测序数据进行拼接、过滤,获取有效的数据,从这些有效的数据中对各真菌物种进行物种操作分类单元(OTUs)聚类分析。分析 OTUs 聚类的结果,确定对应的单个物种的样本信息在单个样本内对应物种群落中的样本丰度和动态分布均衡情况,并对其进行样本丰度和 Alpha 多样性分析;同时通过对 OTUs 进行多次聚类序列的比对和 Beta 多样性分析,探究不同样本间或不同组间物种群落关系结构的自然相似性。选用 Anova、Anosim 和 MRPP 等统计分析方法检验样本

物种组成和菌群结构的差异显著性。序列拼接质控使用 PRINSEQ、pandaseq、Usearch 及笔者自行开发的 perl 程序等软件完成。

土壤理化特征数据处理与分析采用 SPSS 18.0 和 Microsoft Excel 2010 软件完成。

2 结果与分析

2.1 不同种植模式的土壤养分分析

如表 1 所示, T2 处理的土壤 pH 值与 T1、T3 处理差异极显著, T1 与 T3 处理间无显著差异;各处理间的土壤有机质含量差异极显著; T1 处理的全氮含量最高且与 T2、T3 处理间差异极显著,说明水旱轮作后土壤有机质和全氮含量降低,这可能跟作物需肥量有关。3 个处理间有效磷、有效钾和缓效钾含量差异均达到极显著水平,且 T3 处理的有效磷、有效钾和缓效钾含量最高。

表 1 各处理间土壤理化性质的差异

Table 1 Differences in soil physical-chemical properties between different treatments

处理	pH	有机质含量 (g/kg)	全氮含量 (g/kg)	有效磷含量 (mg/kg)	有效钾含量 (mg/kg)	缓效钾含量 (mg/kg)
T1	7.95aA	26.65aA	2.00aA	32.95cC	187.50cC	592.50cC
T2	7.45bB	25.80bB	1.80bB	34.35bB	209.50bB	667.75bB
T3	8.05aA	24.60cC	1.80bB	37.73aA	225.33aA	769.33aA

T1:番茄连作;T2:茄子-番茄轮作;T3:慈姑-番茄轮作。同一列数据后不同小写字母表示处理间差异显著($P<0.05$);不同大写字母表示处理间差异极显著($P<0.01$)。

2.2 不同种植模式间土壤真菌的 OTUs 及 Alpha 多样性分析

由表 2 可知,供试土壤的覆盖度为 0.999 2~0.999 6,表明该测序深度可以基本覆盖样品中的所有物种,可以代表各处理土壤真菌种类等的真实情况。3 种不同种植模式的土壤真菌 DNA 有效序列数中 T1 与 T2、T3 处理间差异极显著, T2、T3 处理

间差异不显著。3 个处理间的 OTU 数量差异极显著,其中 T3 处理最多。Chao1 指数和观测到的物种数大小均为 T3>T2>T1,香农(Shannon)指数和辛普森(Simpson)指数由高到低为 T3>T2>T1。可见,番茄轮作后其根际土壤真菌群落的多样性和丰富度均比番茄连作要高,尤其是与非同科作物轮作后。

表 2 不同样品番茄根际土壤真菌组测序结果

Table 2 Sequencing results of fungi groups in different tomato rhizosphere soil samples

处理	DNA 有效序列数 (个)	OTU 数量 (个)	Chao1 指数	观测到的物种数 (个)	PD_whole_tree	香农指数	辛普森指数	覆盖度
T1	106 976aA	773cC	802.011 1cC	772cC	158.598 1cC	5.082 7cC	0.914 5bA	0.999 2bB
T2	93 919bB	980bB	995.890 6bB	979bB	192.833 0bB	6.656 6bB	0.967 0aA	0.999 5aA
T3	96 333bB	1 047aA	1 064.826 1aA	1 047aA	221.972 2aA	7.140 9aA	0.978 4aA	0.999 6aA

T1、T2、T3 见表 1 注。同一列数据后不同小写字母表示处理间差异显著($P<0.05$);不同大写字母表示处理间差异极显著($P<0.01$)。

2.3 不同种植模式间土壤真菌属水平群落结构分析

3 种不同种植模式中,真菌群落组成存在一定

的差异。在门级上,主要包括子囊菌门(Ascomycota)、担子菌门(Basidiomycota)、被孢霉门(Mortierellomycota)和壶菌门(Chytridiomycota)(图 1)。图 1

和图 2 显示,各处理的优势真菌门不同,T1 处理优势菌群为子囊菌门和担子菌门,优势属有锥盖伞属(*Conocybe*);T2 和 T3 处理优势真菌门为子囊菌门、担子菌门和被孢霉门,其中 T2 处理优势属有被孢霉属(*Mortierella*)、枝孢菌属(*Cladosporium*),T3 处理优势属有被孢霉属、假丝酵母菌属(*Candida*)和木霉属(*Trichoderma*)。

2.4 不同种植模式间土壤真菌物种丰度聚类分析

选取属水平的 Top 20 的物种分类绘制聚类热图(图 3),结果表明,土壤样品被分为 2 类,T2、T3 处理聚为一类,表明上述 2 个处理具有较为相似的土壤真菌群落结构;T1 处理为一类,且 T2 和 T3 处理的土壤样品间分枝长度较短,说明 2 个处理间物种组成和丰度相似。可见,与番茄连作相比,轮作可以对土壤真菌群落结构在属水平上产生影响。通过热图分析进一步鉴定真菌群落的相对丰度。比较相似性可知,所有处理的土壤真菌群落结构分为 5 簇(图 3),说明每个簇内的真菌属在不同处理中的分布相似。

2.5 番茄根际土壤真菌多样性与土壤养分的相关性分析

对 3 种植植模式的土壤理化指标及根际土壤真菌的多样性指数共 9 个指标的相关性进行分析(表 3)。表明,Chao1 指数与土壤 pH 值、有效磷含量、有效钾含量和缓效钾含量呈正相关,相关系数分别为 0.013、0.876、0.985、0.938,与有机质含量和全氮含量呈负相关,相关系数分别为 -0.934、-0.967;Shannon 指数和 Simpson 指数与土壤的 pH 值、有机质含量、全氮含量均呈负相关,与土壤有效磷含量、有效钾含量和缓效钾含量均呈正相关。

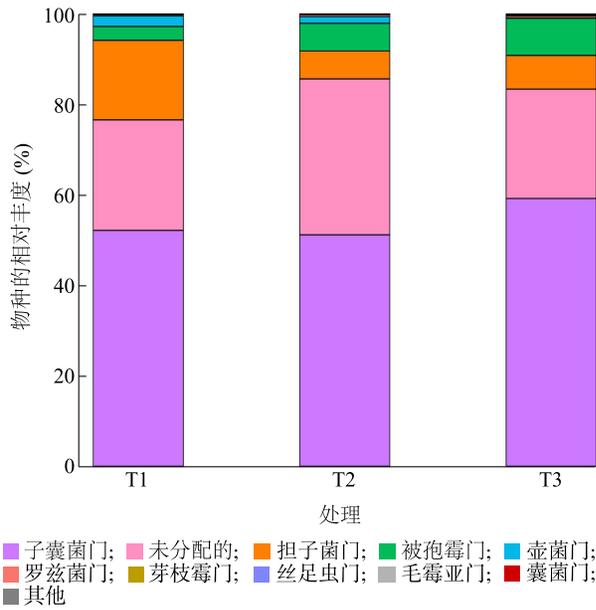
3 讨论

土壤养分和微生物菌落对作物的生长和发育有着重要的影响。种植模式会影响作物根际土壤的养分含量^[11],作物的根际分泌物对微生物菌群也有一定的影响^[12]。本研究结果表明,连作和轮作后的番茄根际土壤养分存在一定的差异,且土壤有效磷含量、有效钾含量和缓效钾含量之间均差异极显著。T1、T2 与 T3 处理的有机质含量差异极显著;T1 处理的全氮含量最高,且与 T2、T3 处理差异极显著,说明轮作后土壤有机质和全氮含量降低,这可能跟作物的需肥量有关,建议水旱轮作后适当增施有机肥;金莉^[13]认为轮作能较好地提高土壤中养分含

量,避免养分失衡,这与本研究结果一致。

在植物生态学中,Chao1 指数、观测到的物种数和香农指数、辛普森指数分别反映土壤样品的物种种类数量和多样性及丰度的均匀性。上述指数越高,说明样本中的各个物种数量和丰富度越高,物种的资源多样性越丰富、个体分配越均匀。本研究中,Chao1 指数、观测物种数和 Shannon 指数、Simpson 指数从高到低均为 T3>T2>T1,说明轮作栽培后的番茄根际土壤中真菌的丰富度和多样性都高于连作的土壤,其中水旱轮作效果更好。这与苏燕等^[14]指出的轮作可有效提高土壤微生物的多样性,且水旱轮作模式对改善土壤性质及提高土壤微生物活性的效果最显著的结论相符。

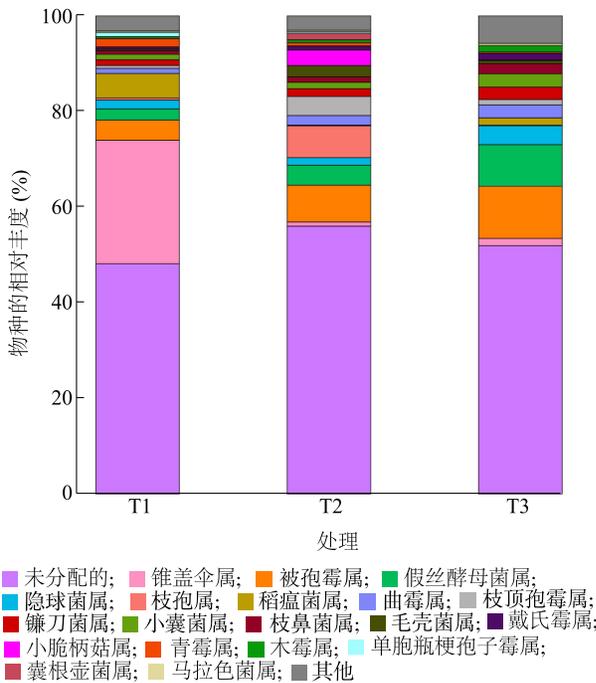
土壤真菌种类繁多、功能多样,在植物根际土壤中形成一个小生态系统,对作物生长影响较大。本试验中,各种种植模式的番茄根际土壤微生物主要包括子囊菌门、担子菌门、被孢霉门和壶菌门 4 大类。而主要优势菌群比较稳定,均以子囊菌门的丰度最高,这与刘师豆等^[15-17]的研究结果一致。子囊菌门大多数为腐生菌,对土壤中不易降解的有机物有分解作用,可驱动养分循环^[18-19]。各处理的真菌优势属不同,T1 处理优势属有锥盖伞属;被孢霉属是 T2 和 T3 处理的的优势属。梨孢菌属主要引起禾本科植物病害^[20];被孢霉属是一种潜在的生物控制剂,对土壤生态和作物健康有益,具有防治某些植物病原体和虫害的作用^[21]。T1、T2 和 T3 处理土壤中都有镰刀菌属和木霉菌属,其中 T3 处理中木霉菌属含量较高。镰刀菌属为常见的土传性病原菌,会造成辣椒^[22]、番茄^[23]枯萎病和根腐病。木霉菌对作物的土传病害有生防和杀菌效果,并产生多种对植物有益的生物活性化学物质,提高作物对土传病害的抗逆性^[24]。可见,轮作能增加有益真菌的繁殖量和种类,而在水旱轮作过程中,由于栽培作物和栽培方式不同,引起番茄根际土壤的微生物群落的差异,且轮作模式下的番茄根际土壤周围的有益真菌与其他有害微生物和病原菌之间形成拮抗作用,共同维持了土壤中微生物菌群和土壤结构的均衡,Ren 等^[25]的研究结论与本观点一致。属水平 Top 20 的物种分类聚类热图显示,T1、T2 和 T3 处理明显被分为 2 类,T1 处理为一类,T2 和 T3 处理聚为一类,且二者样品间分枝长度较短。说明,轮作可以改变番茄土壤真菌群落结构。



T1、T2、T3 见表 1 注。

图 1 不同种植模式土壤真菌群落组成在真菌门水平的相对丰度

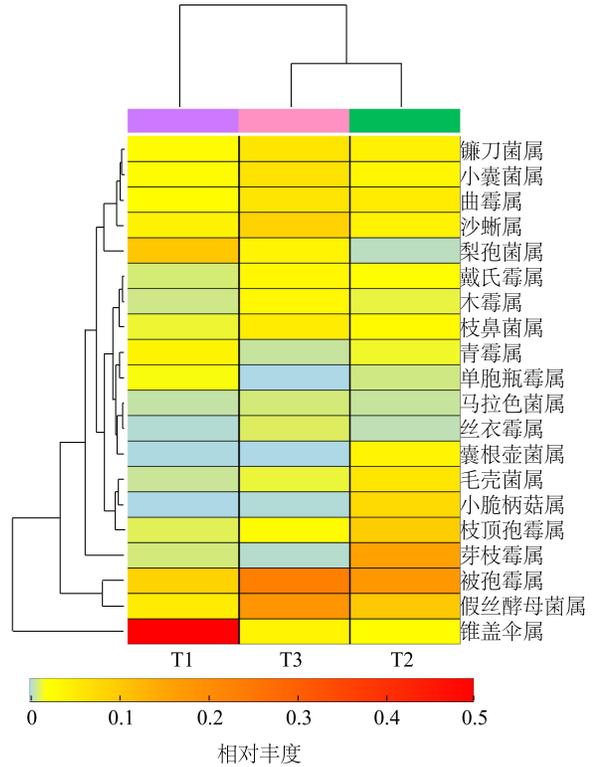
Fig.1 Relative abundance of fungal communities at fungal phylum level in the soils under different planting patterns



T1、T2、T3 见表 1 注。

图 2 不同种植模式土壤真菌群落组成在真菌属水平 (Top 20) 的相对丰度

Fig.2 Relative abundance of Top 20 fungal communities at fungal genus level in the soils under different planting patterns



T1、T2、T3 见表 1 注。纵向表示某一物种在不同样品中的聚类情况,横向表示某一样品在 Top 20 物种中的聚类情况;群落相对丰度的颜色由蓝变红,表示群落的相对丰度由低变高。

图 3 不同种植模式土壤在属水平的真菌类群比较

Fig.3 Comparison of fungal groups at genus level in the soils under different planting patterns

土壤微生物多样性与土壤理化特征之间存在密切关系^[26-27]。本研究结果表明,Chaol 指数与土壤 pH 值呈正相关,与韦俊等^[28]的研究结果一致,但 pH 值对真菌群落组成影响较小,表明 pH 值不是影响番茄根际土壤群落组成的主要因子,这一研究结果与季凌飞等的^[29]研究结果一致;与王楠等^[16]和 Liu 等^[30]得出的影响土壤真菌的最主要因素是 pH 值的结论不一致,这可能是作物种类和根际分泌物不同导致微生物和土壤理化性质差异造成的。Shannon 指数、Simpson 指数与土壤 pH 值呈负相关,说明偏酸性的环境适宜真菌生长,这与孙倩等^[17]的研究结果一致。Shannon 指数、Simpson 指数与土壤有机质和全氮含量呈负相关,与土壤有效磷含量、有效钾含量和缓效钾含量均呈正相关,说明土壤中的氮含量较高,会使土壤真菌的多样性大大减少,这与韦俊等^[28]的研究结果一致。

表3 番茄根际土壤真菌多样性与土壤养分的相关性分析

Table 3 Correlation analysis of fungal diversity in rhizosphere soils of tomatoes with soil fertility

类别	pH 值	有机质含量	全氮含量	有效磷含量	有效钾含量	缓效钾含量	Chao1 指数	Shannon 指数	Simpson 指数
pH 值	1.000								
有机质	-0.370	1.000							
全氮含量	0.240	0.813	1.000						
有效磷含量	0.493	-0.991	-0.726	1.000					
有效钾含量	0.186	-0.982	-0.909	0.946	1.000				
缓效钾含量	0.359	-1.000**	-0.820	0.989	0.984	1.000			
Chao1 指数	0.013	-0.934	-0.967	0.876	0.985	0.938	1.000		
Shannon 指数	-0.016	-0.923	-0.974	0.862	0.980	0.928	1.000**	1.000	
Simpson 指数	-0.074	-0.899	-0.986	0.831	0.966	0.904	0.996	0.998*	1.000

* 表示显著相关, ** 表示极显著相关。

4 结论

本研究结果表明,轮作能缓解番茄种植过程中的土壤酸化现象,避免土壤养分失衡;还可改变土壤真菌群落结构和丰度,尤其是可以提高抑制土传病害发生的典型生防真菌属的种类和丰度,其中与慈姑轮作的效果最好。土壤中氮含量过高时,会明显降低真菌群落的多样性指数。本研究测算了番茄连作和轮作(同科作物与非同科作物)模式间根际土壤微生物的种类及相对丰度,探究了根际微生物-土壤养分系统的相互联系,明确了慈姑与番茄轮作条件下土壤微生物特征及土壤养分的差异,阐明了轮作减少番茄土传病害发生的原因,为慈姑和番茄健康生产提供了有力支撑。

参考文献:

[1] 柳美玉,曹红霞,杜贞其,等. 营养液浓度对番茄营养生长期干物质累积及养分吸收的影响[J]. 西北农林科技大学学报(自然科学版), 2017, 45(4): 119-126.

[2] 康亚龙,孙文庆,刘建国,等. PLFA 方法研究连作对加工番茄根际土壤微生物群落结构的影响[J]. 中国生态农业学报, 2017, 25(4): 594-604.

[3] LIANG M Q, ZHANG C F, PENG C L, et al. Plant growth, community structure, and nutrient removal in monoculture and mixed constructed wetlands [J]. Ecological Engineering, 2011 (37): 309-316.

[4] 刘会芳,韩宏伟,王 强,等. 不同蔬菜与番茄轮作对设施土壤微生物多样性、酶活性及土壤理化性质的影响[J]. 微生物学报, 2021, 61(1): 167-182.

[5] 尹国丽,李亚娟,张振粉,等. 不同草田轮作模式土壤养分及细菌群落组成特征[J]. 生态学报, 2020, 40(5): 1542-1550.

[6] 戴良香,徐 扬,张冠初,等. 花生根际土壤细菌群落多样性对盐胁迫的响应[J]. 作物学报, 2021, 47(8): 1581-1592.

[7] 杨 涵,靳芙蓉,关统伟,等. 有机肥替代部分化肥对温室土壤肥力和真菌群落的短期影响[J]. 西北农业学报, 2021, 30(3): 422-430.

[8] MA X, DU M L, LIU P, et al. Alternation of soil bacterial and fungal communities by tomato-rice rotation in Hainan Island in Southeast of China [J]. Archives of Microbiology, 2021, 203: 913-925.

[9] XU L H, RAVNSKOV S, LARSEN J, et al. Soil fungal community structure along a soil health gradient in pea fields examined using deep amplicon sequencing [J]. Soil Biol Biochem, 2012, 46: 26-32.

[10] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 北京:中国农业出版社, 2000.

[11] 盖志佳,吴嘉彧,张敬涛,等. 大豆玉米持续轮作免耕对土壤养分及作物产量的影响[J]. 中国农学通报, 2019, 35(5): 100-106.

[12] WEI Z, YU D. Analysis of the succession of structure of the bacteria community in soil from long-term continuous cotton cropping in xinjiang using high-throughput sequencing[J]. Archives of Microbiology, 2018, 200(4): 653-662.

[13] 金 莉. 不同蔬菜轮作对温室番茄连作基质微生物多样性及番茄生长的影响[D]. 兰州:甘肃农业大学, 2020.

[14] 苏 燕,李 婕,曹雪颖,等. 水旱轮作模式下马铃薯根际土壤细菌群落多样性分析[J]. 南方农业学报, 2020, 51(10): 2374-2382.

[15] 刘师豆,韩耀光,朱新萍,等. 棉秆炭调控对碱性镉污染水稻根际土壤真菌群落结构和功能的影响[J]. 环境科学, 2020, 41(8): 3846-3854.

[16] 王 楠,潘小承,王传宽,等. 模拟酸雨对毛竹阔叶林过渡带土壤真菌结构及其多样性的影响[J]. 环境科学, 2020, 41(5): 2476-2484.

[17] 孙 倩,吴宏亮,陈 阜,等. 不同轮作模式下作物根际土壤养分及真菌群落组成特征[J]. 环境科学, 2020, 41(10): 4682-

- 4689.
- [18] BEIMFOROD C, FELDBERG K, NYLINDER S, et al. Estimating the phanerozoic history of the ascomycota lineages: combining fossil and molecular data [J]. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 2014, 78: 386-398.
- [19] ZHAO S, QIU S, XU X, et al. Change in straw decomposition rate and soil microbial community composition after straw addition in different long-term fertilization soils [J]. *Applied Soil Ecology*, 2019, 138: 123-133.
- [20] 杨鑫,樊吴静,李丽淑,等. 不同栽培模式对冬作马铃薯根际土壤真菌多样性的影响[J]. *福建农业学报*, 2020, 35(2): 192-199.
- [21] LI F, CHEN L, REDMILE-GORDON M, et al. *Mortierella elongata*'s roles in organic agriculture and crop growth promotion in a mineral soil [J]. *Land Degradation and Development*, 2018, 29(6): 1642-1651.
- [22] VELARDE F, GARZON T, HERNANDEZ V, et al. Occurrence of fusarium oxysporum causing wilt on pepper in mexico [J]. *Canadian Journal of Plant Pathology*, 2018, 40(2): 238-247.
- [23] LI Y T, HWANG S G, HUANG Y M, et al. Effects of trichoderma asperellum on nutrient uptake and fusarium wilt of tomato [J]. *Crop Protection*, 2018, 110: 275-282.
- [24] 杨丽丽,康少杰. 保护地土传病害生物防治研究进展[J]. *现代农业科技*, 2012(8): 187-189, 191.
- [25] REN L X, LOU Y S, ZHANG N, et al. Role of arbuscular mycorrhizal network in carbon and phosphorus transfer between plants [J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2013, 49(1): 3-11.
- [26] 梁留阳,康业斌,赵世民,等. 烟草专用生物有机肥对烟株根围土壤微生物与酶活性的影响[J]. *江苏农业科学*, 2020, 48(3): 280-283.
- [27] 方明,李洁,赖欣,等. 短期生物炭刺激对红壤和潮土微生物群落的影响[J]. *江苏农业科学*, 2020, 48(11): 250-258.
- [28] 韦俊,杨焕文,徐照丽,等. 烤烟不同套作模式对土壤理化性质和真菌群落结构的影响[J]. *土壤通报*, 2017, 48(3): 631-638.
- [29] 季凌飞,倪康,马立锋,等. 不同施肥方式对酸性茶园土壤真菌群落的影响[J]. *生态学报*, 2018, 38(22): 8158-8166.
- [30] LIU D, LIU G H, CHEN L, et al. Soil pH determines fungal diversity along an elevation gradient in southwestern China [J]. *Science China Life Sciences*, 2018, 61(6): 718-726.

(责任编辑:陈海霞)