



周佳, 黄渝岚, 申章佑, 等. 山药不同繁殖材料苗期根际土壤微生物群落多样性分析[J]. 江西农业大学学报, 2025, 47(6): 1472–1481.

ZHOU J, HUANG Y L, SHEN Z Y, et al. Analysis of microflora diversity in inter-root soil of different propagating materials of yam at seedling stage[J]. Acta agriculturae universitatis Jiangxiensis, 2025, 47(6): 1472–1481.

山药不同繁殖材料苗期根际土壤微生物群落多样性分析

周佳, 黄渝岚, 申章佑, 劳承英, 周灵芝, 李艳英*, 李素平

(广西壮族自治区农业科学院, 广西 南宁 530007)

摘要:【目的】探究山药不同繁殖材料苗期根际土壤微生物群落多样性及群落结构特征, 为山药健康栽培和繁殖材料选择提供科学依据。【方法】利用盆栽方式和高通量测序技术, 比较山药不同繁殖材料—芦头、茎段、零余子栽植后苗期根际土壤微生物群落结构特征。【结果】Alpha多样性分析表明, 零余子栽植后的土壤细菌、真菌物种丰富度和多样性均显著高于芦头; 主坐标分析(PCoA)显示, 茎段与零余子细菌群落结构相似, 芦头与茎段真菌群落结构相似。细菌群落结构组成分析显示, 芦头显著富集蓝藻细菌门(Cyanobacteria)和 *norank_f_norank_o_Chloroplast* 属, 而茎段和零余子则显著富集绿弯菌门(Chloroflexi)和酸杆菌门(Acidobacteriota); 真菌群落结构组成分析显示, 芦头和茎段显著富集潜在病原菌踝节菌属(*Talaromyces*), 而零余子显著富集有益真菌被孢菌属(*Mortierella*)和毛壳菌属(*Chaetomium*)。群落差异分析显示, 芦头与茎段、零余子在细菌和真菌群落结构上均存在显著差异, 而茎段与零余子的群落结构相似性较高。【结论】山药不同繁殖材料显著影响山药根际土壤微生物群落, 从而改变山药生长的微生态环境。茎段和零余子栽培可提高微生物多样性, 改善土壤健康状况; 零余子栽植能富集有益真菌, 增强系统抗病性。芦头栽植存在病原真菌富集风险。研究结果为山药健康栽培提供了微生物学的理论依据。

关键词: 山药; 不同繁殖材料; 根际; 土壤微生物

中图分类号: S632.1; S154.3 文献标志码: A

文章编号: 1000-2286(2025)06-1472-10

CSTR: 32399.14.aauj.2025127

开放科学(资源服务)标识码(OSID):



Analysis of microflora diversity in inter-root soil of different propagating materials of yam at seedling stage

ZHOU Jia, HUANG Yulan, SHEN Zhangyou, LAO Chengying,
ZHOU Lingzhi, LI Yanying*, LI Suping

(Guangxi Academy of Agricultural Sciences, Nanning 530007, China)

Abstract: [Objective] This study aims to investigate the characteristics of rhizosphere soil microflora

收稿日期: 2025-03-16 修回日期: 2025-04-20

基金项目: 广西自然科学基金项目(2023GXNSFBA026290)

Project supported by the the Natural Science Foundation of Guangxi (2023GXNSFBA026290)

作者简介: 周佳, 副研究员, 博士, orcid.org/0009-0004-5510-2650, zhoujia8555@163.com; *通信作者: 李艳英, 副研究员, 主要从事薯类生理生化研究, orcid.org/0000-0003-3643-9210, 506416264@qq.com.

©《江西农业大学学报》编辑部, 开放获取 CC BY-NC-ND 协议

communities during the seedling stage of different propagating materials of yam, thus providing a scientific basis for the healthy cultivation of yam and the selection of propagation materials. [Method] The characteristics of microbial community structure of rhizosphere soil in tuber head, tuber section and bulbil of yam were compared by pot method and high-throughput sequencing technology. [Result] Alpha diversity analysis showed that soil bacterial and fungal species richness and diversity were significantly higher in bulbil than in tuber head. Principal coordinate analysis (PCoA) showed that the tuber were more similar to the bulbil in bacterial community structure, and the tuber head were more similar to the tuber section in fungal community structure. Analysis of bacterial community composition revealed that tuber head were significantly enriched with *Cyanobacteria* and the genus *norank_f_norank_o_Chloroplast*, while tuber section and bulbil showed significant enrichment of *Chloroflexi* and *Acidobacteriota*. Fungal community analysis demonstrated that both tuber head and tuber section were significantly enriched with the potential pathogenic genus *Talaromyces*, whereas bulbil were notably enriched with beneficial fungal genera *Mortierella* and *Chaetomium*. Community differentiation analysis indicated significant differences in both bacterial and fungal community structures between tuber head versus tuber section/bulbil, while tuber section and bulbil exhibited high similarity in microbial community composition. [Conclusion] This study demonstrates that different yam propagation materials significantly influence rhizosphere soil microbial communities, thereby altering the microecological environment for yam growth. Cultivation using stem segment and bulbil can enhance microbial diversity and improve soil health. Bulbil planting can enrich beneficial fungi and enhance systemic disease resistance. However, tuber head cultivation poses a risk of pathogenic fungal enrichment. These findings provide a microbiological basis for healthy yam cultivation practices.

Keywords: yam; different propagating materials; rhizosphere; soil microbe

【研究意义】山药(*Dioscorea opposita* Thunb.), 又名淮山, 是薯蓣科(Dioscoreaceae)薯蓣属(*Dioscorea* Linn.)植物, 作为一种重要的药食同源作物, 具有极高的营养价值和药用价值。山药主要通过无性繁殖进行生产, 常用繁殖材料包括芦头(栽子)、茎段(块茎截节)和零余子(珠芽)。然而, 芦头作种易导致种性退化和病害积累^[1], 茎段作种则存在出苗缓慢、易腐烂、出苗率低及成本高等问题^[2]。相比之下, 零余子作为气生变态茎, 具有数量多、繁殖系数高、病虫害少等优势, 能够有效解决种性退化问题, 降低生产成本, 提升山药产量和品质^[3-5]。此外, 根际土壤微生物作为生态系统的重要组成部分, 与植物生长密切相关, 其群落结构的变化直接影响植物的养分吸收、抗逆性及病害发生^[6-7]。因此, 研究山药不同繁殖材料栽植对根际微生物群落的影响, 对于优化山药种植模式、提升产量和品质具有重要意义。【前人研究进展】近年来, 关于山药栽培方式及其对根际微生物影响的研究逐渐增多。研究表明, 不同生长时期、种植方式及种植年限均对山药根际微生物群落结构有显著影响。康捷等^[8]发现山药根际细菌多样性和丰富度在不同生长时期变化不显著, 而真菌群落变化更为明显; 劳承英等^[9-10]比较了袋料栽培和定向结薯栽培对根际微生物的影响, 发现2种植植方式的优势菌群相似, 并提出袋料栽培可替代传统定向栽培; 张红霞等^[11]指出土壤微生态环境因子对山药根茎糖类物质积累有显著促进作用; 孙凯宁等^[12]研究表明, 山药连作会破坏土壤微生物种群结构并抑制土壤酶活性, 而轮作可改善微生物群落结构和酶活性; 张月萌等^[13]进一步研究发现, 间作豆科绿肥作物可增加山药田的生物多样性, 改善土壤生态环境, 缓解连作障碍。然而, 目前关于山药不同繁殖材料(芦头、茎段、零余子)栽植后根际微生物多样性变化的研究尚未见报道。

【本研究切入点】尽管前人研究揭示了种植方式、连作及间作对山药根际微生物的影响, 但针对不同繁殖材料(芦头、茎段、零余子)栽植后根际微生物群落结构差异的研究仍属空白。【拟解决的关键问题】本研究以山药不同繁殖材料(芦头、茎段、零余子)苗期根际土壤为研究对象, 利用高通量测序技术分析不同繁殖材料栽植后根际微生物多样性及群落结构的差异, 旨在揭示根际微生物群落对不同繁殖材料的响应机制, 为山药健康栽培和繁殖材料选择提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

供试材料为广西农业科学院选育的山药品种——桂淮 13 号的芦头、茎段、零余子,分别设为 T、D、L(图 1)。试验采取盆栽种植,土壤采自广西农业科学院核心示范区山药定向栽植 1 年试验地。于山药收获后按照 S 形状路线采集 5 个点土壤(0~30 cm),混合均匀后,带回实验室风干备用。



图 1 桂淮 13 号芦头、茎段、零余子形态特征

Fig.1 Morphological characteristics of rhizome, tuber section and bulbil

1.2 试验设计及样品采集

试验于广西农业科学院示范区大棚内进行。试验共设 3 个处理,以芦头、茎段、零余子作种栽植,每个处理 6 盆(23.5 cm×16 cm×19 cm)。每盆装过 3 mm 筛的风干土 2 kg,每盆种植 1 株山药,每 3 d 浇水 1 次,其间不施任何肥料,全部出苗后 30 d 进行根际土壤的取样。

根际土壤采用“抖根法”进行取样,抖掉根系上松散的大土块,然后用刷子将与根系密切结合的土壤刷下作为 1 个根际土壤样品。各处理的根际土壤分别充分混匀后存放于-80℃冰箱中用于高通量测序。

1.3 土壤微生物 DNA 的提取及测序

利用 Soil DNA Kit 试剂盒提取土壤总 DNA,土壤样本采集后委托上海美吉生物医药科技有限公司进行测序,以细菌 16S rRNA 的 V3-V4 区特异性引物(338F-806R)和真菌 ITS RNA 的 ITS1-5F 区特异性引物(ITS1-ITS12R)进行 PCR 扩增,基于 Illumina HiSeq 测序平台,利用双末端测序(Paired-end)方法,构建小片段进行双末端测序。

1.4 数据统计与分析

测序数据通过 Flash 和 Trimmomatic 进行过滤优化和双端序列连接,优化的序列利用 Usearch 在 97% 相似水平进行聚类。采用 Mothur 对 OTU 进行 Alpha 多样性和 Beta 多样性分析,计算 Chao、ACE、Shannon 和 Simpson 指数;将优化序列根据数据库中的参考序列在门和属水平进行鉴定,比较不同处理中细菌和真菌的分布情况并利用 R 语言工具分析和制图(Venn 图、PCoA 图和微生物群落结构图等)。采用 Excel 2019 进行数据处理,SPSS 25.0 进行显著性分析。

2 结果与分析

2.1 根际土壤细菌、真菌群落的 OTUs 分布 Venn 图分析

芦头、茎段、零余子栽植后根际土壤共有及特有细菌、真菌的 OTUs 数量如图 2 所示。在细菌群落的 OTUs 中(图 2A),三者共有 OTUs 数量为 2 414,芦头与茎段共有 OTUs 数量为 163,芦头与零余子共有 OTUs 数量为 138,茎段与零余子共有 OTUs 数量为 385,芦头、茎段和零余子独有 OTUs 数量分别为 241、362、381。比较不同繁殖材料的 OTUs 数目发现,芦头独有的 OTUs 数量最少,茎段与零余子独有的 OTUs 数量接近;两两比较共有的 OTUs 数发现,茎段与零余子共有 OTUs 数量最多。

在真菌群落的 OTUs 中(图 2B),三者共有 OTUs 数量为 318,芦头与茎段共有 OTUs 数量为 45,芦头与零余子共有 OTUs 数量为 87,茎段与零余子共有 OTUs 数量为 90,芦头、茎段和零余子独有 OTUs 数量分别为 119、121、212。比较不同繁殖材料的 OTUs 数目发现,零余子独有的 OTUs 数量最多,茎段与芦头独有的 OTUs 数量接近;两两比较共有的 OTUs 数发现,芦头与茎段共有 OTUs 数量最少。

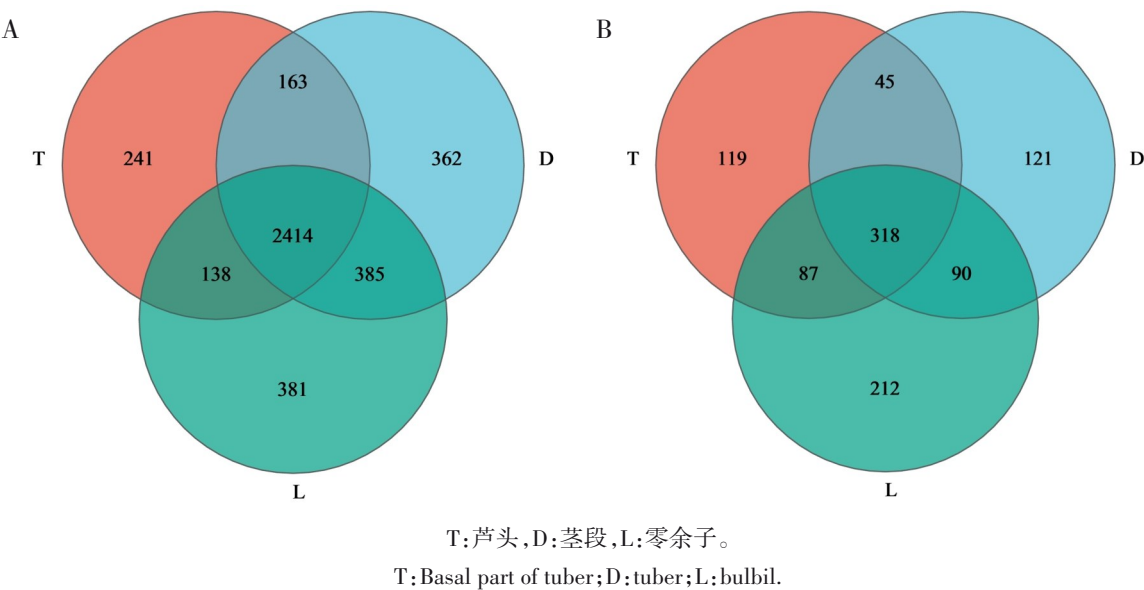


图2 山药不同繁殖材料栽植根际土壤细菌(A)、真菌(B)的OTUs分布

Fig.2 OTUs-Venn graph of bacteria(A) and fungi(B) of yam rhizosphere soils under different propagating material

2.2 根际土壤细菌、真菌 Alpha 多样性指数分析

芦头、茎段、零余子栽植后根际土壤微生物 Alpha 多样性如表 1 所示。在细菌群落方面,芦头的 ACE、Chao1 和 Shannon 指数显著低于茎段、零余子($P<0.05$,下同),而 Simpson 指数显著高于茎段和零余子。茎段和零余子间的 ACE、Chao1 和 Shannon、Simpson 指数差异均不显著。这表明,芦头栽植后根际土壤细菌的丰富度和多样性显著低于茎段和零余子。

在真菌群落方面,零余子的 ACE、Chao1 和 Shannon 指数显著高于芦头和茎段,而 Simpson 指数显著低于芦头。芦头的 ACE、Chao1 指数显著高于茎段,但 Shannon、Simpson 指数与茎段间差异不显著性。这表明,零余子连作的真菌物种丰富度和多样性均显著高于芦头、茎段。

表 1 山药不同繁殖材料栽植根际土壤微生物群落 Alpha 多样性分析

Tab.1 Analysis of yam rhizosphere soils microbial community Alpha diversity under different different propagating materials

类别 Category	样品编号 Sample number	丰富度指数 Richness index		多样性指数 Diversity index	
		ACE 指数	Chao1 指数	Shannon 指数	Simpson 指数
		ACE index	Chao1 index	Shannon index	Simpson index
细菌 Bacteria	T	2 519.74±76.94 ^b	2 455.70±71.39 ^b	4.93±0.12 ^b	0.084 3±0.003 9 ^a
	D	2 803.36±53.54 ^a	2 781.08±69.85 ^a	6.35±0.11 ^a	0.007 7±0.003 4 ^b
	L	2 780.97±50.48 ^a	2 757.34±66.08 ^a	6.51±0.02 ^a	0.004 3±0.000 2 ^b
真菌 Fungi	T	388.20±37.85 ^b	384.80±38.91 ^b	2.25±0.18 ^b	0.31±0.04 ^a
	D	349.80±44.83 ^c	347.90±45.42 ^c	2.99±0.42 ^b	0.18±0.08 ^{ab}
	L	428.30±45.05 ^a	429.30±44.43 ^a	3.76±0.52 ^a	0.07±0.04 ^b

T: 芦头; D: 茎段; L: 零余子; 同列同种微生物不同小写字母表示在 $P<0.05$ 水平下显著差异。

T: Basal part of tuber; D: Tuber; L: Bulbil; Different small letters in the same column indicate significant difference at $P<0.05$ level among the same microbial.

2.3 根际土壤细菌、真菌 Beta 多样性指数分析

基于 Bray-Curtis 距离的主成分 (PCoA) 分析芦头、茎段、零余子根际土壤微生物群落组成。由图 3A 可知,在细菌群落中,第 1 坐标轴和第 2 坐标轴解释了细菌总方差的 80.43%,茎段与零余子样本点距离较近,芦头和茎段、零余子间土壤样品分布离散、距离较远,表明茎段与零余子细菌群落结构较接近,芦头与茎段、零余子细菌群落结构存在差异。由图 3B 可知,在真菌群落中,第 1 坐标轴和第 2 坐标轴解释了

真菌总方差的 70.57%, 芦头与茎段样本点距离较近, 零余子与芦头、茎段样品分布离散、距离较远, 表明芦头与茎段真菌群落结构较接近, 零余子与芦头、茎段真菌群落结构存在差异。

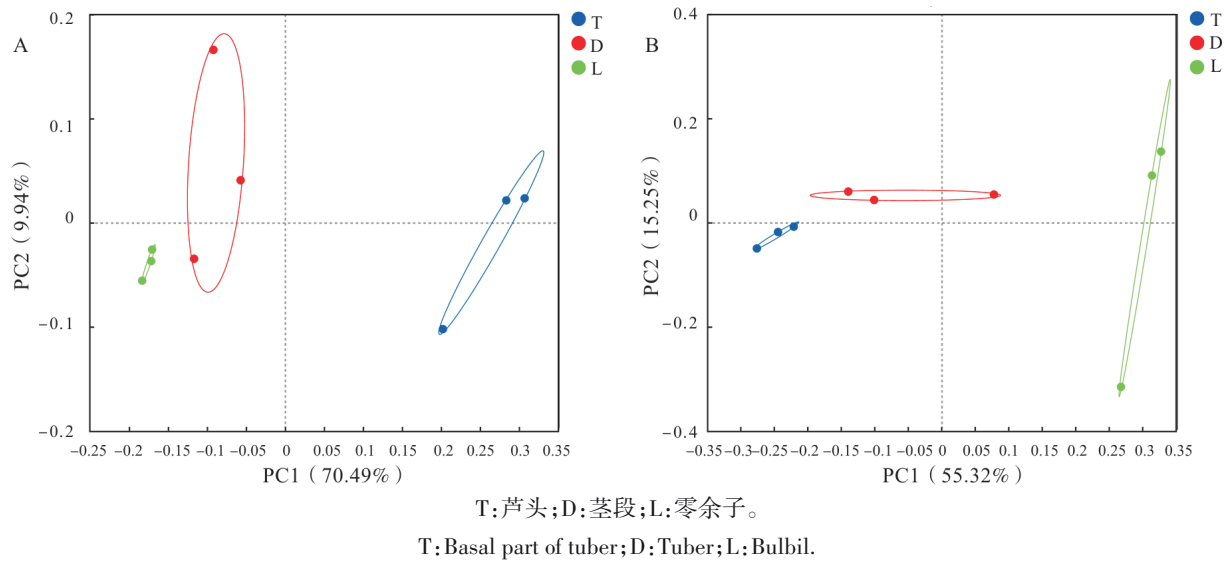


图 3 山药不同繁殖材料栽植根际土壤细菌(A)、真菌(B)群落 PCoA 分析

Fig.3 PCoA analysis of bacteria(A) and fungi(B) of yam rhizosphere soils under different different propagating material

2.4 根际土壤细菌、真菌门群落组成及差异分析

根据物种注释结果, 选取每组样本在门上相对丰度大于 1% 的细菌生成物种相对应丰度柱形图 (图 4A), 选取相对丰度较大的细菌门进行差异性分析 (图 5A)。如图 4A、图 5A 所示, 在芦头、茎段、零余子中相对丰度较大的菌门均为放线菌门 (Actinobacteriota)、变形菌门 (Proteobacteria)、绿弯菌门 (Chloroflexi)、酸杆菌门 (Acidobacteriota)、蓝藻细菌门 (Cyanobacteria)。蓝藻细菌门为芦头的最优菌群, 所占比例为 28.79%, 分别显著高于茎段和零余子 22.21 和 24.45 个百分点; 芦头中的绿弯菌门和酸杆菌门相对丰度低于茎段和零余子, 绿弯菌门比茎段、零余子分别低 7.57 和 9.06 个百分点, 有显著性差异, 酸杆菌门相对丰度比茎段、零余子分别低 4.73 和 9.65 个百分点, 与零余子差异显著, 与茎段差异不显著。放线菌门和变形菌门在芦头、茎段和零余子中的占比接近。在主要优势细菌门中, 茎段与零余子的相对丰度均无显著性差异, 表明茎段与零余子的细菌群落组成相似。

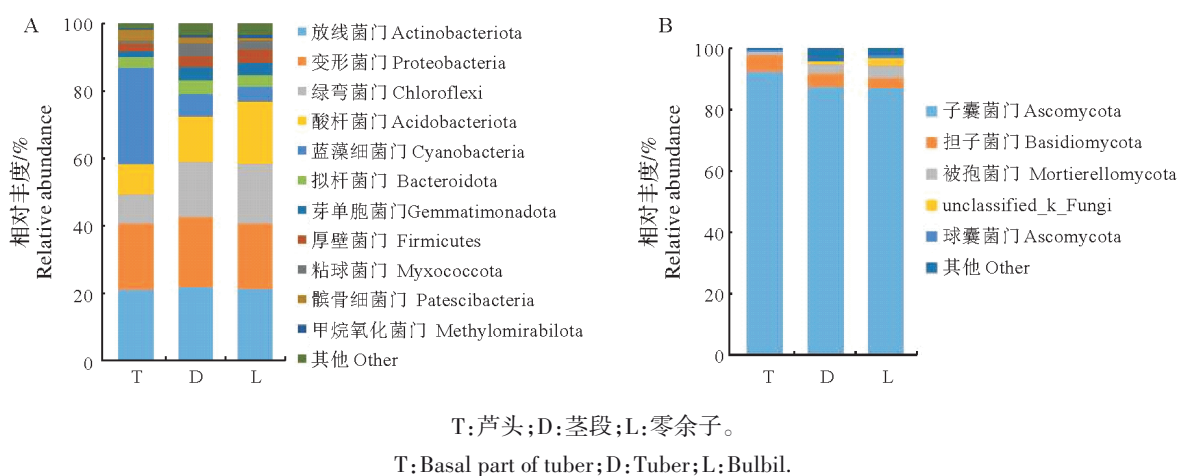


图 4 山药不同繁殖材料栽植根际土壤优势细菌(A)、真菌(B)门的组成

Fig.4 Composition of dominant bacteria(A) and fungi(B) in phylum level of yam rhizosphere soils under different propagating material

根据物种注释结果, 选取每组样本在门上相对丰度大于 1% 的真菌, 生成物种相对应丰度柱形图并进行差异性分析 (图 4B、图 5B)。如图 4B、图 5B 所示, 与细菌相比, 相对丰度大于 1% 的真菌门数量较少,

芦头、茎段、零余子分别有 2,4,5 个。芦头、茎段、零余子的最优菌门均为子囊菌门(Ascomycota),所占比例分别为 92.43%、87.25%、87.04%,三者间差异不显著;芦头中的担子菌门(Basidiomycota)相对丰度显著高于零余子 2.02 个百分点,被孢菌门(Mortierellomycota)和 unclassified_k_Fungi 相对丰度分别显著低于零余子 3.47 和 1.54 个百分点。在主要优势真菌门中,茎段与零余子的相对丰度均无显著性差异,表明茎段与零余子的真菌群落组成相似。

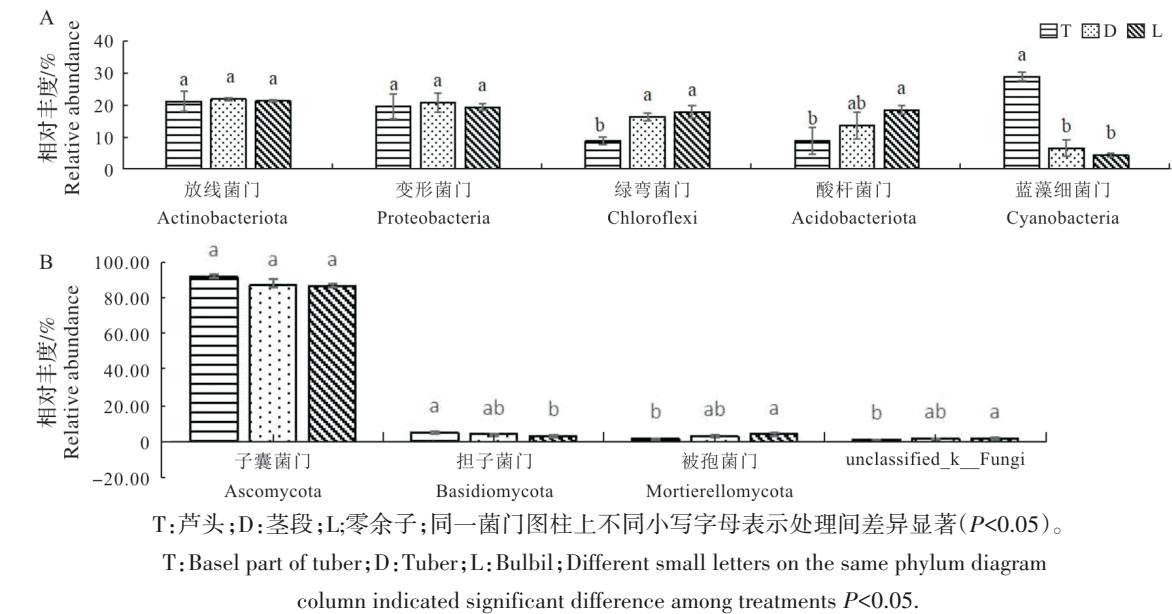


图 5 山药不同繁殖材料栽植根际土壤优势细菌(A)、真菌(B)门的组成差异分析

Fig.5 Analysis of the relative abundance differences of dominant bacteria(A) and fungi(B) at phylum level in rhizosphere soils of yam under different propagating material

2.5 根际土壤细菌、真菌属群落组成差异分析

在细菌属水平,由表 2 可知在细菌的优势菌属中,多数为未分类菌属。*norank_f_norank_o_Chloroplast* 为芦头最优菌属,相对丰度为 28.19%,分别比茎段、零余子显著高 22.04 和 24.27 个百分点;芦头的其余优势菌属中,除链霉菌属(*Streptomyces*)、*Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium* 相对丰度显著高于茎段、零余子,其他菌属均低于或显著低于茎段、零余子。

表 2 山药不同繁殖材料根际土壤优势细菌属的相对丰度比较

Tab.2 Comparison of the dominant bacteria relative abundance at genus level

属名 Genus	相对丰度/% Relative abundance		
	T	D	L
<i>norank_f_norank_o_Chloroplast</i>	28.19±0.51 ^a	6.15±1.34 ^b	3.92±0.26 ^b
<i>norank_f_norank_o_Vicinamibacterales</i>	3.27±0.89 ^a	4.39±0.90 ^a	6.45±0.26 ^a
鞘氨醇单胞菌属 <i>Sphingomonas</i>	2.94±0.10 ^b	4.62±0.23 ^a	3.95±0.16 ^a
链霉菌属 <i>Streptomyces</i>	5.46±0.63 ^a	3.40±0.15 ^b	2.50±0.18 ^b
<i>norank_f_Vicinamibacteraceae</i>	2.31±0.60 ^b	3.57±0.59 ^{ab}	4.85±0.18 ^a
<i>norank_f_Roseiflexaceae</i>	1.55±0.07 ^b	3.03±0.17 ^a	2.58±0.04 ^a
<i>norank_f_JG30-KF-CM45</i>	1.33±0.19 ^b	2.45±0.10 ^a	2.59±0.09 ^a
<i>Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium</i>	4.23±0.64 ^a	2.00±0.50 ^b	0.23±0.16 ^b
芽孢杆菌属 <i>Bacillus</i>	1.39±0.05 ^a	2.29±0.26 ^a	2.28±0.10 ^a
<i>norank_f_Gemmatimonadaceae</i>	1.20±0.08 ^b	2.55±0.18 ^a	2.92±0.17 ^a

T: 芦头; D: 茎段; L: 零余子; 同行不同小写字母表示在 $P < 0.05$ 水平下显著差异。

T: Basal part of tuber; D: Tuber; L: Bulbil; Different small letters in the same line indicate significant difference at $P < 0.05$ level among the same microbial.

由表 3 可知,在真菌属水平,芦头、茎段、零余子的最优菌属均为踝节菌属(*Talaromyces*),分别占比 54.73%、38.94%、10.78%,三者间有显著性差异;*unclassified_o_Sordariales*、被孢菌属(*Mortierella*)、毛壳菌属(*Chaetomium*)为零余子中的相对丰度均高于芦头和茎段,

零余子中的占比为 3.02%、4.26%、5.08%,茎段中的占比为 2.05%、3.19%、2.04%,芦头中的占比仅接近或不到 1%,3 种菌属在芦头和零余子间存在显著差异,*unclassified_o_Sordariales* 和毛壳菌属在零余子和茎段间存在显著性差异。

表 3 山药不同繁殖材料根际土壤优势真菌属的相对丰度比较
Tab.3 Comparison of the dominant fungi relative abundance at genus level

属名 Genus	相对丰度/% Relative abundance		
	T	D	L
踝节菌属 <i>Talaromyces</i>	54.73±1.74 ^a	38.94±6.99 ^{ab}	10.78±1.27 ^c
新赤壳属 <i>Neocosmospora</i>	9.76±0.29 ^a	11.88±1.30 ^a	9.68±1.11 ^a
镰刀菌属 <i>Fusarium</i>	7.08±0.29 ^a	6.62±0.50 ^a	7.82±0.67 ^a
麦轴梗霉属 <i>Tritirachium</i>	4.3±0.28 ^a	2.26±0.25 ^b	—
曲霉属 <i>Aspergillus</i>	1.02±0.23 ^a	2.25±0.33 ^a	3.11±0.65 ^a
<i>unclassified_o_Sordariales</i>	1.01±0.24 ^c	2.05±0.25 ^b	3.02±0.18 ^a
被孢菌属 <i>Mortierella</i>	0.81±0.13 ^b	3.19±0.42 ^{ab}	4.26±0.92 ^a
毛壳菌属 <i>Chaetomium</i>	0.84±0.05 ^b	2.04±0.16 ^b	5.08±0.49 ^a
螺旋聚孢霉属 <i>Clonostachys</i>	0.37±0.13 ^b	2.27±0.91 ^a	0.9±0.12 ^b

T: 芦头; D: 茎段; L: 零余子; 同行不同小写字母表示在 $P<0.05$ 水平下显著差异。

T: Basal part of tuber; D: Tuber; L: Bulbil; Different small letters in the same line indicate significant difference at $P<0.05$ level among the same microbial.

3 讨论与结论

土壤微生物多样性能够反映土壤健康状态,对生态系统的稳定有决定性作用;微生物群落多样性越高,其占有的生态位就越广,其生态系统也就越稳定^[14]。ACE 指数、Chao1 指数、Simpson 指数、Shannon 指数可用于评价微生物群落的丰富度和多样性,Chao1 指数、Shannon 指数越高表明微生物群落的丰富度和多样性越高^[15]。本研究中,茎段和零余子中的细菌 ACE、Chao1 和 Shannon 指数显著高于芦头,表明茎段和零余子栽植后细菌物种总数更多,细菌群落更复杂且均匀;芦头中的 Simpson 指数最高,表明其细菌群落中某些优势菌种占比更高,而茎段和零余子中的 Simpson 指数极低(接近 0),说明物种分布更均匀。在真菌多样性中,零余子的 ACE、Chao1 指数显著高于芦头和茎段,这可能与不同繁殖材料对真菌的筛选作用有关;零余子的 Shannon 指数显著高于茎段和芦头,表明零余子真菌群落更复杂,但芦头 Simpson 指数显著高于零余子,说明其真菌群落中存在明显优势种(如潜在病原菌或共生菌),而零余子真菌分布最均匀。已有研究^[16]表明,土壤微生物多样性的降低会对植株生长、养分循环等功能产生明显的负面影响,甚至增加土传病害的发生风险。因此,与芦头栽植相比,茎段和零余子栽植显著提升细菌和真菌多样性,可能增强植物抗逆性,而芦头栽植存在病原菌富集风险。在山药不同繁殖材料的研究中^[12-4,17],以芦头作为繁殖材料时,其携带的病害会随着连作年限的增加而累积,导致种性退化问题突出;采用茎段繁殖,虽病虫害较少,但易出现腐烂问题;而零余子作为繁殖材料时,种性退化程度轻、病害少且后代生活力旺盛。本研究关于土壤微生物多样性的结果与前人对山药不同繁殖材料的田间表现特征一致,进一步验证了微生物群落与繁殖材料选择之间的关联性。

土壤细菌是农业生态系统中最丰富多样的微生物类群,可以敏感反映土壤生态功能的变化^[18]。本研究中,芦头、茎段、零余子主要优势细菌门均为放线菌门、变形菌门、绿弯菌门、酸杆菌门、蓝藻细菌门,这一结果与劳承英等^[9]、张红霞等^[11]、周灵芝等^[19]在山药相关研究中的发现相似。其中,蓝藻细菌门为芦头最优菌门,其相对丰度显著高于茎段和零余子,而酸杆菌门和绿弯菌门的相对丰度则显著低于后两者。蓝藻细菌门具有固氮功能,其优势地位表明芦头栽植后的土壤环境更适宜固氮菌生长,这可能与芦头出苗快、苗期根系发达的特性相关,从而为固氮菌提供了更有利的生态位。相比之下,茎段和零余子

栽植土壤中绿弯菌门和酸杆菌门的富集具有重要意义。绿弯菌门可促进土壤有毒物质的降解^[20],而酸杆菌门能降解土壤中纤维素和木聚糖等复杂碳水化合物,其丰富的代谢多样性对维持农田生态系统平衡至关重要^[21],这一结果提示,茎段和零余子栽植可能更有利于改善土壤环境。在属水平上,*norank_f_norank_o_Chloroplas*为芦头最优菌属,相对丰度显著高于茎段和零余子,*norank_f_norank_o_Chloroplas*为蓝藻细菌门未分类细菌属,这与门水平的研究结果相互印证。通过显著性差异分析发现,芦头与茎段之间存在6个差异显著的细菌门和7个差异显著的细菌属;芦头与零余子之间存在8个差异显著的细菌门和8个细菌属;而茎段与零余子之间仅有2个差异显著的细菌门,且无显著差异的细菌属。结合芦头、茎段、零余子优势菌门和菌属的组成特征可知,芦头的细菌群落结构与茎段、零余子存在显著差异,而茎段与零余子的细菌群落结构则表现出较高的相似性。

土壤真菌作为生态系统的重要组成部分,其群落组成与农作物健康密切相关^[22]。本研究对山药不同繁殖材料根际土壤真菌群落分析表明,芦头、茎段、零余子的优势真菌门均为子囊菌门,优势真菌属均为踝节菌属。子囊菌门是土壤中占主导地位的真菌门类,包含了多种植物致病菌,是植物病害毒素的主要来源^[22-23]。本研究中,芦头、茎段、零余子的子囊菌门相对丰度均较高,但三者间差异不显著;而踝节菌属的相对丰度在芦头和茎段中显著高于零余子。已有研究表明,踝节菌属在连作花生^[24]、太子参^[25]土壤中过度繁殖会导致病害发生。本研究发现芦头和茎段栽植可能更易促进潜在病原真菌(如踝节菌属)的增殖,从而增加土传病害风险,这可能是其与零余子栽植体系的重要差异之一。本研究中,零余子根际土壤中具有生防潜力的真菌属显著富集,被孢菌属相对丰度显著高于芦头,该属具有潜在分泌抗菌素和抑制部分病原菌生长的能力^[26-27];毛壳菌属在零余子中的丰度显著高于茎段和芦头,其产生的毛壳菌素能够有效抑制多种病原真菌的繁殖^[28-29],这些有益真菌的富集可能与零余子栽植体系表现出更强的病害抵抗能力相关。

综上所述,山药不同繁殖材料栽植显著影响根际土壤微生物群落,从而改变山药生长的微生态环境。茎段和零余子栽植显著提升细菌多样性,且物种分布更均匀;零余子表现出更高的真菌多样性。芦头富集蓝藻细菌门,但潜在病原真菌踝节菌属丰度显著偏高,而零余子富集被孢菌属和毛壳菌属等有益菌。这些发现与田间表现一致,零余子抗病性强,芦头易积累病害,茎段则处于中间状态,本研究结果为山药繁殖材料选择提供了微生物学的理论依据。

致谢:南宁市科学研究与技术开发计划项目(20232055)、广西农业科学院基本科研业务专项(桂农科2023YM78、桂农科2024YP057)和广西农科院团队项目(桂农科2021YT056)同时对本研究给予了资助,谨致谢意!

参考文献 References:

- [1] 李世可.种栽性状对怀山药农艺性状及产量品质的影响[D].郑州:河南农业大学,2018.
LI S K.Effect of head parts of tuber character on agronomic characters and yield production and quality of *dioscorea* yam[D]. Zhengzhou: Henan Agricultural University, 2018.
- [2] 杜彩艳,杨鹏,孙曦,等.不同基质配比对维西糯山药零余子繁殖种栽生长和品质的影响[J].中药材,2023,46(5): 1088-1093.
DU C Y, YANG P, SUN X, et al.Effects of different substrate ratios on the growth and quality of reproductive seed of Weixi glutinous *Dioscorea opposita* axillary bud[J].Journal of Chinese medicinal materials, 2023, 46(5): 1088-1093.
- [3] 林佳丽,孙静宇,汪生林,等.不同质量等级零余子作种对南城淮山产量和品质的影响[J].江西农业大学学报,2024, 46(4): 894-901.
LIN J L, SUN J Y, WANG S L, et al.Effects of different mass bulbils on yield and quality of Nancheng Huaishan[J].Acta agriculturae universitatis Jiangxiensis, 2024, 46(4): 894-901.
- [4] SANADA A, CHENG C, KIKUNO H.Bulbil dormancy and formation in water yam(*Dioscorea alata* L.)[J].Tropical agriculture and development, 2018, 62(3): 109-114.
- [5] ZHANG B, GUO K, LIN L, et al.Comparison of structural and functional properties of starches from the rhizome and bulbil of Chinese yam(*Dioscorea opposita* Thunb.)[J].Molecules, 2018, 23(2): 427.
- [6] 孔亚丽,秦华,朱春权,等.土壤微生物影响土壤健康的作用机制研究进展[J].土壤学报,2024, 61(2): 331-347.
KONG Y L, QIN H, ZHU C Q, et al.Research progress on the mechanism by which soil microorganisms affect soil health[J].

- Acta pedologica Sinica, 2024, 61(2): 331-347.
- [7] HIRUMA K, GERLACH N, SACRISTAN S, et al. Root endophyte colletotrichum tofieldiae confers plant fitness benefits that are phosphate status dependent[J]. Cell, 2016, 165: 464-474.
- [8] 康捷, 章淑艳, 韩韬, 等. 麻山药不同生长时期根际土壤微生物多样性及群落结构特征[J]. 生物技术通报, 2019, 35(9): 99-106.
- KANG J, ZHANG S Y, HAN T, et al. Microbial diversity and community structure characteristics of yam rhizosphere soil at different development periods[J]. Biotechnology bulletin, 2019, 35(9): 99-106.
- [9] 劳承英, 韦本辉, 周灵芝, 等. 袋料种植淮山药根际土壤细菌多样性的高通量测序分析[J]. 南方农业学报, 2020, 51(10): 2367-2373.
- LAO C Y, WEI B H, ZHOU L Z, et al. High-throughput sequencing analysis of rhizosphere soil bacterial diversity of yam planting in bag material[J]. Journal of southern agriculture, 2020, 51(10): 2367-2373.
- [10] 劳承英, 申章佑, 周灵芝, 等. 基于高通量测序的淮山根际土壤真菌多样性分析[J]. 西南农业学报, 2021, 34(1): 71-76.
- LAO C Y, SHEN Z Y, ZHOU L Z, et al. Analysis on rhizosphere soil fungal diversity of yam with high throughput sequencing[J]. Southwest China journal of agricultural sciences, 2021, 34(1): 71-76.
- [11] 张红霞, 张舒雅, 张玉涛, 等. 山药根际土壤微生物 16S rRNA 多样性及影响因素[J]. 土壤学报, 2019, 56(5): 1236-1246.
- ZHANG H X, ZHANG S Y, ZHANG Y T, et al. Genetic 16S rRNA diversity of soil microbes in rhizosphere of Chinese yam and its influencing factors[J]. Acta pedologica Sinica, 2019, 56(5): 1236-1246.
- [12] 孙凯宁, 杨宁, 王克安, 等. 山药连作对土壤微生物群落及土壤酶活性的影响[J]. 水土保持研究, 2015, 22(6): 95-98.
- SUN K N, YANG N, WANG K A, et al. Effect of Chinese yam continuous cropping on the soil microbial community and soil enzyme activity[J]. Research of soil and water conservation, 2015, 22(6): 95-98.
- [13] 张月萌, 王倩姿, 孙志梅, 等. 间作豆科作物对山药田土壤化学和生物学性质的影响[J]. 应用生态学报, 2018, 29(12): 4071-4079.
- ZHANG Y M, SUN Q Z, SUN Z M, et al. Effects of yam/leguminous crops intercropping on soil chemical and biological properties of yam field[J]. Chinese journal of applied ecology, 2018, 29(12): 4071-4079.
- [14] PHILIPPOTT L, RAAIJMAKERS J M, LEMANCEU P, et al. Going back to the roots: the microbial ecology of the rhizosphere[J]. Nature reviews microbiology, 2013, 11: 789-799.
- [15] 杨亚东, 王志敏, 曾昭海. 长期施肥和灌溉对土壤细菌数量、多样性和群落结构的影响[J]. 中国农业科学, 2018, 51(2): 290-301.
- YANG Y D, WANG Z M, ZENG Z H. Effects of long-term different fertilization and irrigation managements on soil bacterial abundance, diversity and composition[J]. Scientia agricultura Sinica, 2018, 51(2): 290-301.
- [16] 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: 507-520.
- [17] 刘国彬, 张红瑞, 李世可, 等. 芦头繁殖代数对怀山药农艺性状及品质的影响[J]. 河南农业科学, 2020, 49(12): 41-46.
- LIU G B, ZHANG H R, LI S K, et al. Effects of propagation generations of basal part of stem on agronomic characters and quality of Chinese yam[J]. Journal of Henan agricultural sciences, 2020, 49(12): 41-46.
- [18] 李杨, 宋立群, 敖静, 等. 秸秆还田下连作对黄瓜土壤细菌群落结构和多样性的影响[J]. 中国土壤与肥料, 2025(2): 65-75.
- LI Y, SONG L Q, AO J, et al. Effects of continuous cropping on bacterial community structure and diversity of cucumber under straw returning[J]. Soil and fertilizer sciences in China, 2025(2): 65-75.
- [19] 周灵芝, 劳承英, 申章佑, 等. 定向栽培连作淮山根际土壤细菌群落的多样性分析[J]. 西南农业学报, 2021, 34(8): 1601-1607.
- ZHOU L Z, LAO C Y, SHEN Z Y, et al. Analysis of diversity of rhizosphere soil bacterial community of yam in directional cultivation in continuous cropping[J]. Southwest China journal of agricultural sciences, 2021, 34(8): 1601-1607.
- [20] 陈丹梅, 陈晓明, 梁永江, 等. 轮作对土壤养分、微生物活性及细菌群落结构的影响[J]. 草业学报, 2015, 24(12): 56-65.
- CHEN D M, CHEN X M, LIANG Y J, et al. Influence of crop rotation on soil nutrients, microbial activities and bacterial com-

- munity structures[J].Acta prataculturae Sinica,2015,24(12):56-65.
- [21] 陈海生,刘守平,梁国钱,等.3种西兰花种植方式对根际土壤细菌群落结构和多样性的影响研究[J].核农学报,2021,35(6):1457-1465.
- CHEN H S, LIU S P, LIANG G Q, et al.Effects of three cropping patterns on bacterial community structure and diversity in rhizosphere of broccoli[J].Journal of nuclear agricultural sciences,2021,35(6):1457-1465.
- [22] GOMES N C M, FAGBOLA O, COSTA R, et al.Dynamics of fungal communities in bulk and maize rhizosphere soil in the tropics[J].Applied and environmental microbiology,2003,69(7):3758-3766.
- [23] 谭仲廷,李安定,杨瑞,等.百香果连作对土壤真菌群落结构的影响[J].分子植物育种,2022,20(4):1373-1382.
- TAN Z T, LI A D, YANG R, et al.Effects on community structure of soil fungi in *Passiflora edulis* continuous cropping[J].Molecular plant breeding,2022,20(4):1373-1382.
- [24] 姚小东,李孝刚,丁昌峰,等.连作和轮作模式下花生土壤微生物群落不同微域分布特征[J].土壤学报,2019,56(4):975-985.
- YAO X D, LI X G, DING C F, et al.Microzone distribution characteristics of soil microbial community with peanut cropping system, monocropping or rotation[J].Acta pedologica Sinica,2019,56(4):975-985.
- [25] 林茂兹,王海斌,林辉锋.太子参连作对根际土壤微生物的影响[J].生态学杂志,2012,31(1):106-111.
- LI M Z, WANG H B, LIN H F.Effects of pseudostellariae heterophylla continuous cropping on rhizosphere soil microorganisms[J].Chinese journal of ecology,2012,31(1):106-111.
- [26] 贾晨波,郭洋,马成莲,等.宁杞1号枸杞健康株与根腐病患株的土壤微生物群落和功能差异[J].生态环境学报,2021,30(9):1831-1841.
- JIA C B, GUO Y, MA C Y, et al.Difference on soil microbial community and function of healthy and diseased plants of *Lycium barbarum* Ningqi-1[J].Ecology and environmental sciences,2021,30(9):1831-1841.
- [27] 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.
- [28] LIU Q W, WANG S X, LI K, et al.Responses of soil bacterial and fungal communities to the long-term monoculture of grapevine[J].Applied microbiology and biotechnology,2021,105(18):7035-7050.
- [29] VASANTHAKUMARI M M, SHIVANNA M B.Biological control of sorghum anthracnose with rhizosphere and rhizoplane fungal isolates from perennial grasses of the Western Ghats of India[J].European journal of plant pathology,2014,139(4):721-733.

(责任编辑:张前锋)