

胡洪涛,朱志刚,周荣华,等.不同处理对蛭石栽培的微型薯疮痂病防控效果及其微生态效应分析[J].华中农业大学学报,2021,40(4):72-79.
DOI:10.13300/j.cnki.hnlkxb.2021.04.009

不同处理对蛭石栽培的微型薯疮痂病防控效果 及其微生态效应分析

胡洪涛¹,朱志刚¹,周荣华¹,杨靖钟¹,蔡兴奎²,颜冬冬³

1.湖北省生物农药工程研究中心,武汉 430064;2.华中农业大学园艺林学学院,武汉 430070;

3.中国农业科学院植物保护研究所,北京 100193

摘要 通过田间小区试验评价了6个不同处理对蛭石栽培的微型马铃薯疮痂病的防效,并采用16S核糖体基因高通量测序技术研究了蛭石中细菌群落结构的变化。试验结果显示,棉隆+青霉菌34107处理对疮痂病防效最好(93.43%),显著高于对照药剂中生菌素处理(65.10%);而且商品薯的数量和经济效益也最高,分别达到348.3万个/hm²和35.70万元/hm²。蛭石中细菌相对丰度均以变形菌门(Proteobacteria)、放线菌门(Actinobacteria)和拟杆菌门(Bacteroidetes)最高,但不同处理之间丰度差异较大。除青霉菌34107处理外,其余处理细菌多样性指数均有不同程度的下降,但棉隆+青霉菌34107处理较中生菌素处理高,且显著高于棉隆处理($P<0.05$)。统计分析结果显示,总共185个属的丰度发生显著变化($P<0.05$),其中92个属(49.7%)为5个处理共有。棉隆和青霉菌34107处理发生显著变化属的数量最多(112个),而棉隆+青霉菌34107处理最少,仅30个属上调。在青霉菌34107和棉隆+青霉菌34107处理中,有益菌假单胞杆菌(*Pseudomonas*)数量显著增加,说明青霉菌34107处理,尤其是与棉隆协同使用,能有效促进蛭石中有益菌繁殖。相关性分析结果显示,蛭石中链霉菌丰度与55个属细菌呈显著正相关($P<0.05$, $r>0.6$),包括中慢生根瘤菌(*Mesorhizobium*)、*Solirubrobacter*、包层不黏柄菌(*Asticcacaulis*)等,而与*Dyadobacter*、*Pedobacter*、*Paenarthrobacter*等8个属丰度呈显著负相关($P<0.05$, $r<-0.6$)。研究结果表明,以棉隆消毒联合青霉菌34107处理对微型薯疮痂病防效最好,同时促进了蛭石中细菌多样性和有益菌的增殖。此外,还发现链霉菌的数量与土壤多种细菌密切相关。

关键词 马铃薯疮痂病;棉隆;土壤消毒;青霉菌;微生物多样性;16S核糖体高通量测序

中图分类号 S435.32 **文献标识码** A **文章编号** 1000-2421(2021)04-0072-08

马铃薯是世界第三、中国第四大粮食作物,随着我国马铃薯主粮化战略的实施,马铃薯种植面积快速增加,我国已成为世界马铃薯生产和消费第一大国,年种植面积约560万hm²,年产量9000多万t^[1],占世界马铃薯种植面积和产量的1/4左右,马铃薯产业健康发展对我国粮食安全至关重要。马铃薯不仅是我国第四大粮食作物,同时也是我国大多数山区经济欠发达县的主要栽培作物^[2],因此,马铃薯产业的健康可持续发展不仅关系到我国粮食安全,而且对国家乡村振兴战略顺利实施也至关重要。马铃薯疮痂病作为危害马铃薯重要病害之一,几乎在我国所有马铃薯产区均有发生,发生程度呈逐年加重趋势,尤其是在以蛭石为基质的脱毒微型薯生

产基地,连作地种薯患病率高达50%以上,种薯商品价值丧失殆尽。但截至目前,我国尚无正式登记针对疮痂病的防治药剂,说明我国马铃薯疮痂病的防控措施严重缺乏^[3],亟待研究马铃薯疮痂病的防控方法和技术。

马铃薯疮痂病(potato common scab)最早于1890年在美国康涅狄格州被发现^[4],现在已成为世界性土传病害^[5],是马铃薯四大重要病害(晚疫病、粉痂病、疮痂病、病毒病)之一,感染该病的薯块表面会出现近圆形至不定形木栓化疮痂状淡褐色病斑或斑块,呈凹陷、凸起或平状,被害薯块品质、产量均显著降低,种薯失去商品价值。目前,马铃薯疮痂病在我国几乎所有马铃薯产区均有发生,一般田块发病

收稿日期:2021-02-15

基金项目:湖北省农业科技创新中心重大项目(2020-620-002-06);国家重点研发计划(2017YFD0201606);国家马铃薯产业技术体系专项(CARS-09-P08);湖北省农业创新团队项目(2019-620-000-001-27)

胡洪涛, E-mail: hzh0005@qq.com

通信作者:朱志刚, E-mail: 393193843@qq.com

率在30%左右,部分田块发病率高达50%以上^[6],连作田、干旱地区、温室种植的马铃薯发病更为严重。马铃薯由于易感病毒病,生产上多采用脱毒苗繁育而来的微型薯作为种子,而微型薯的生产多在以蛭石为基质的温室中进行,由于蛭石价格昂贵,为节约成本种薯繁育单位多将蛭石重复使用,导致疮痂病在种薯基地发生更为严重,发病率甚至高达80%以上^[7-8]。由于无经济有效的防控措施,马铃薯疮痂病发生面积和程度不断加大,这不仅严重威胁着马铃薯种质资源安全,也阻碍了马铃薯产业的绿色健康发展。

马铃薯疮痂病由链霉菌(*Streptomyces*)侵染引起,目前报道导致马铃薯疮痂病的链霉菌有20多种,但大多数地区的致病菌以普通疮痂链霉菌为主^[9-10]。疮痂链霉菌属于放线菌科链霉菌属、革兰氏阳性菌,此类菌大部分营腐生生活,也能感染除马铃薯外的多种根茎类作物,如甜菜、胡萝卜、花生等^[11]。疮痂链霉菌能产生孢子并依靠孢子进行扩散、感染寄主,土壤pH 5.5~7.5、相对湿度小于60%~70%、温度20~22℃最有利于病原菌入侵^[5],而且马铃薯发病程度与块茎生长时间密切相关,生长2~3周的幼薯最为感病^[12],当块茎表面木栓化后,发病程度大为减轻。土壤微生物是土壤环境重要成分,在养分循环和植物生长中起着关键调控作用,而最近的研究发现马铃薯疮痂病的发生程度与土壤微生物组成和功能紧密相关^[13],尤其是与土壤致病性的疮痂链霉菌的丰度相关,说明降低土壤病原菌数量是控制马铃薯疮痂病的关键。土壤消毒是采用物理、化学等方法来杀灭土壤中的有害生物,从而控制土传性病害、害虫或者杂草的为害,其中以化学药剂溴甲烷消毒效果最好,但由于溴甲烷对臭氧层的破坏作用而被全球禁用。棉隆是近年来在全国大面积推广的消毒药剂,实践表明棉隆消毒对土传性真菌病害^[14]、细菌病害^[15]、线虫病害^[16]、根肿病^[17]等均有较好的防效,而采用棉隆土壤消毒对以蛭石为基质种植的马铃薯疮痂病的防控效果尚未见报道,同时也不清楚土壤消毒对蛭石中微生物的影响。为解决蛭石种植的马铃薯种薯繁育中疮痂病防控难题,我们进行棉隆土壤消毒联合生物菌剂试验,并利用16S核糖体高通量测序技术研究其对蛭石微生态影响。

1 材料与方法

1.1 材料

1)供试品种。马铃薯品种为中薯5号。

2)供试药剂及主要试剂。98%棉隆细粒剂,江苏南通施壮化工有限公司;2×10⁸孢子/mL青霉菌34107水剂,湖北省生物农药工程研究中心;5%中生菌素可湿性粉剂,福建凯立生物科技股份有限公司。土壤DNA提取试剂盒,美国MP Biomedicals公司;测序文库制备试剂盒、TruSeq Nano DNA LT Library Prep Kit,美国Illumina公司。

1.2 试验方法

1)微型薯疮痂病田间药效小区试验。试验在华中农业大学校内的微型薯繁育温室大棚内进行,设6个处理,98%棉隆消毒处理(225 kg/hm²)(T1),2×10⁸孢子/mL青霉菌34107灌根(600 kg/hm²)(T2),5%中生菌素灌根(500倍液)(T3),98%棉隆消毒(225 kg/hm²)联合2×10⁸孢子/mL青霉菌34107灌根(600 kg/hm²)(T4),98%棉隆消毒(225 kg/hm²)联合5%中生菌素灌根(500倍液)(T5),并设空白对照(T6)。每个处理3个重复,共18个小区,小区长5 m、宽6 m,面积为30 m²,小区随机排列。于2020年6月18日进行棉隆土壤消毒试验,操作方法参照文献^[17],先将棉隆均匀撒到蛭石表面,然后采用小型旋耕机将棉隆翻入蛭石,浇水至60%左右的含水量后,盖膜,处理21 d后,揭膜敞气。微型薯组培苗播种时间为9月14日,播种后30 d,分别采用2×10⁸孢子/mL青霉菌34107和5%中生菌素稀释液灌根。马铃薯收获时(11月28日)进行病害分级鉴定,分级标准和防治效果计算参照文献^[18]。田间试验药效试验数据采用IBM SPSS 22.0软件、调用Duncan's方法进行方差显著性分析。

2)样品采集和蛭石中基因组DNA提取。于马铃薯收获时,按照五点取样法采集蛭石样本,放入干冰,带回实验室后保存于-80℃冰箱。蛭石微生物基因组DNA提取按照厂家说明书执行。

3)16S核糖体基因高通量测序和数据分析。细菌16S核糖体基因高通量测序以及数据分析参照文献^[19]所述方法进行。简述如下,基因组DNA经检验合格后,利用338F(5'-ACTCCTACGGGAG-GCA GCA-3')和806R(5'-GGACTACHVGGGT WTCTAAT-3)引物对细菌16S核糖体基因V3-V4

区进行扩增,然后上机进行测序,原始数据经质量过滤后,与 GreenGenes 数据库中的 16S rRNA 基因序列进行比对,以 97% 的相似性作为阈值进行 OTU (operational taxonomic units) 划分。采用 PICRUST 软件^[19]对细菌 OTU 与 KEGG 等数据库进行比对和分析。

2 结果与分析

2.1 不同处理对微型薯疮痂病防控效果及经济效益分析

不同处理对微型薯疮痂病防控效果及经济效益

分析详见表 1。相比 T6 处理,各处理病情指数均显著降低($P<0.05$),以 T4 处理最低(1.73),其次为 T5(5.72)和 T1(6.26),随后是 T2(10.73),以 T3 处理最高(22.43)。种薯疮痂病防效以 T4 处理最高(93.43%),其次为 T5(88.27%)、T1(86.72%)、T2(74.51%),这 4 个处理之间无显著差异($P<0.05$),以 T3 处理防效最低(65.10%)。商品薯数量以 T4(348.3 万个/hm²)、T5(334.1 万个/hm²)、T1(326.1 万个/hm²)最多,显著高于 T2(226.5 万个/hm²)和 T3(156.6 万个/hm²)($P<0.05$)。产值和经济效益也以 T4、T5 和 T1 最高,显著高于其他处理。

表 1 不同处理对种薯疮痂病防效及产量、经济分析

Table 1 Control effects of minituber common scab by different treatments and analysis of yields and economic profits

处理 Treatments	病情指数 Disease incidence	校正防效/% Control efficiency	商品种薯数量/ (万个/hm ²) Amount of commercial seed potato	种薯、人工等成本/ (万元/hm ²) Cost for seeds & labor, etc.	药剂成本/ (万元/hm ²) Pesticide cost	产值/ (万元/hm ²) Yield	经济效益/ (万元/hm ²) Economic profit
T1	6.26d	86.72ab	326.1a	4.8	2.25	35.88a	28.83a
T2	10.73c	74.51ab	226.5b	4.8	0.36	24.92b	17.87b
T3	22.43b	65.10b	156.6c	4.8	0.27	17.24c	10.19c
T4	1.73d	93.43a	348.3a	5.1	2.61	38.31a	31.26a
T5	5.72d	88.27ab	334.1a	5.1	2.52	36.75a	29.70a
T6	47.57a		38.7d	4.5		4.26d	-2.79d

2.2 不同处理蛭石中细菌组成分析

不同处理蛭石中细菌组成详见图 1。各处理蛭石中细菌均以变形菌门(Proteobacteria)相对丰度最高,为 0.51~0.84;其次为放线菌门(Actinobacteria),相对丰度在 0.042~0.230,以 T6 最高、T4 最低;随后为拟杆菌门(Bacteroidetes),相对丰度为 0.019~0.13,以 T6 最低、T4 最高。

层次聚类分析显示(图 2),在属水平的细菌组成除 T5 和 T6 较为相似外,其余处理均有较大差异。在 T2 和 T4 处理中,假单胞杆菌属(*Pseudomonas*)丰度较高,但相对丰度低于 T4 处理;T5 和 T6 处理细菌组成较为类似,均以鞘脂单胞菌属(*Sphingomonas*)、不动杆菌属(*Acinetobacter*)丰度较高;T1 处理中以假单胞杆菌属、*Mitsuaria*、伴根瘤菌属(*Pararhizobium*)等丰度较高;T3 处理中以硫化细菌属(*Thiobacillus*)和 *Saccharimonas* 丰度较高。

统计分析显示,185 个属的丰度发生显著变化($P<0.05$)(图 3)。相对于 T6,T1 处理中 112 个属丰度显著变化,其中 38 个属显著增加、74 个属显

著减少,丰度前三的属分别为 *Mitsuaria*、*Cellvibrio*、*Acidovorax*,增加倍数最大的为 *Mitsuaria* (FC, fold changes, 倍数变化)=12.6),玫瑰色半光合菌属(*Roseateles*, FC=11.6), IMCC26134 (FC=10.1);显著性下降有 74 个属,丰度前三的是鞘氨醇单胞菌(*Sphingomonas*)、类诺卡菌属(*Nocardioideis*)、*Pelomonas*,下降倍数较大的是罗氏菌属(*Rhodanobacter*, FC=-14.8)、unclassified-Rhodanobacteraceae 细菌(FC=-13.1)、*Amycolatopsis* (FC=-12.8)。T2 中共有 112 个属显著变化,55 个属显著性上升、57 个属显著下降,其中,丰度前三的是假单胞杆菌属(*Pseudomonas*)、寡养单胞菌属(*Stenotrophomonas*)、德沃斯氏菌属(*Devosia*),上升倍数较大的是食酸戴尔福特菌(*Delftia*, FC=11.4)、*Leucobacter* (FC=10.5)、*Nitrosomonas* (FC=10.1);下降倍数较大的是 *Phycococcus* (FC=-11.3)、*Humibacter* (FC=-11.2)、*Mizugakiibacter* (FC=-10.2)。T3 处理中有 88 个属丰度显著变化,其中 29 个属增加、59 个属下降;丰度前三的分别是硫化细菌(*Thiobacillus*)、*Saccharimonas*、*Domibacillus*,丰度增加倍数最大是硫化细菌

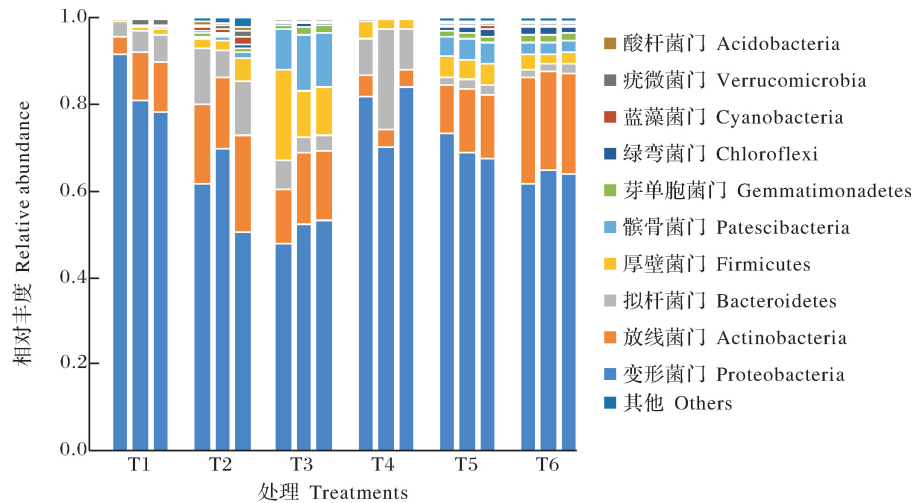


图 1 不同处理蛭石中细菌在门水平组成

Fig.1 Constitutes of soil bacteria at phylum level

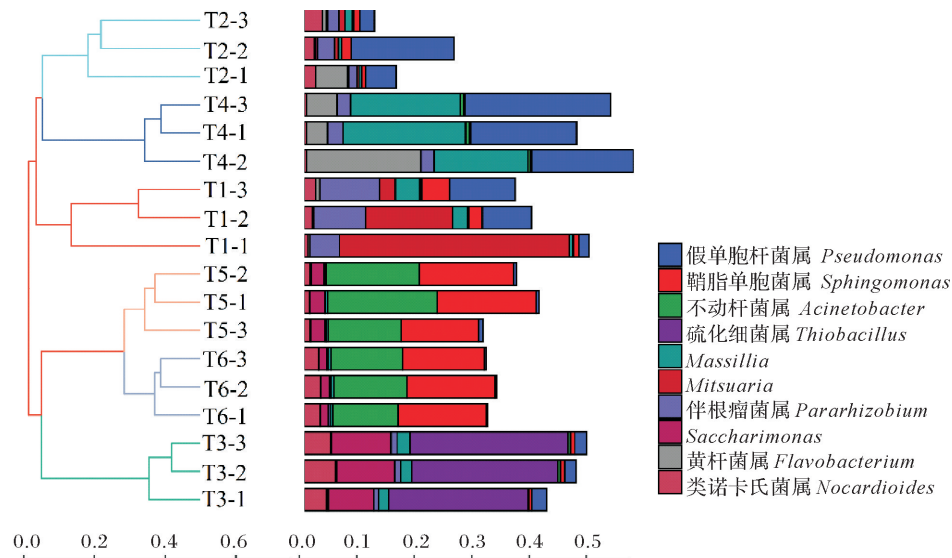


图 2 蛭石中细菌在属水平的层次聚类分析

Fig.2 Hierarchical clustering analysis of soil bacteria at genus level

(FC = 13.0)、嗜甲基菌属 (*Methylophilus*, FC = 11.9)、*Parapusillimonas* (FC = 11.6); 下降倍数最大的是 *Rhodanobacter* (FC = -14.8)、*Pelomonas* (FC = -14.4)、硝化螺旋菌 (*Nitrosospira*, FC = -13.6)。T4 处理中 30 个属丰度显著变化, 均为显著增加, 其中, 丰度最高的是假单胞杆菌、*Massilia*、黄杆菌 (*Flavobacterium*), 丰度变化最大的是嗜甲基菌属 (*Methylophilus*, FC = 10.4)、*Pelagibacteri-* *um* (FC = 9.9)、*Pseudacidovorax* (FC = 9.6)。T5 处理中共 58 个属显著变化, 其中 25 个显著增加、33 个显著下降, 丰度最高的 3 个属是不动杆菌属、*Pelomonas*、罗氏菌属, 以 *Parapusillimonas* (FC = 8.3)、芽孢杆菌 (*Bacillus*, FC = 3.8)、*Effusibacillus* (FC = 2.9) 增加最多, 而 *Humibacter* (FC = -5.3)、*Pseudoxanthomonas* (FC = -2.7)、*Conexibacter* (FC = -2.2) 减少最多。

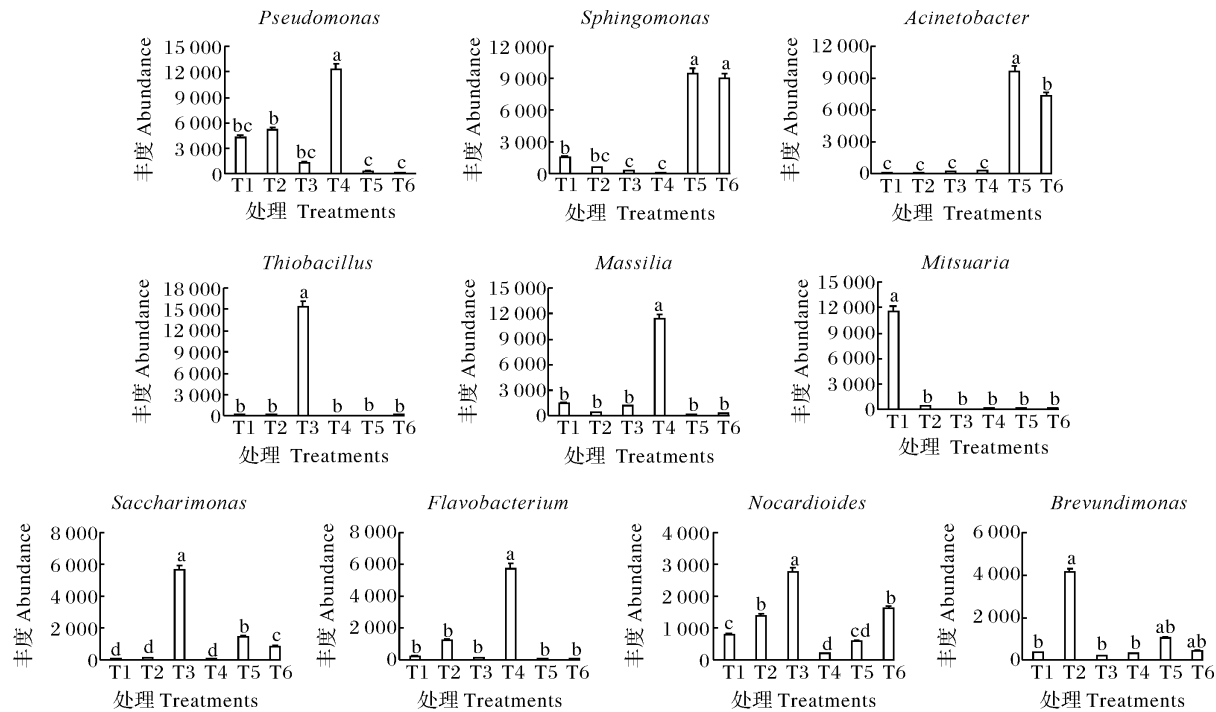


图 3 丰度发生显著变化的前 10 个属

Fig.3 Top 10 genera with significant changes in abundance

2.3 不同处理对蛭石中细菌多样性的影响

不同处理对蛭石中细菌 alpha 多样性影响较大 (图 4)。相对于对照 (T6), 棉隆处理 (T1) 和棉隆 + 中生菌素复合处理 (T5) 的蛭石细菌 Chao1 指数显著降低 ($P < 0.05$); 而青霉菌 34107 单独使用有所

增加, 棉隆 + 青霉菌 34107 复合处理有所降低, 但都没有达到显著水平 ($P > 0.05$)。与 Chao1 指数类似, 青霉菌 34107 处理蛭石 Shannon 指数有所增加, 而棉隆 + 青霉菌 34107 处理有所降低, 但均没有达到显著水平 ($P > 0.05$); 棉隆单独处理、棉隆 + 中

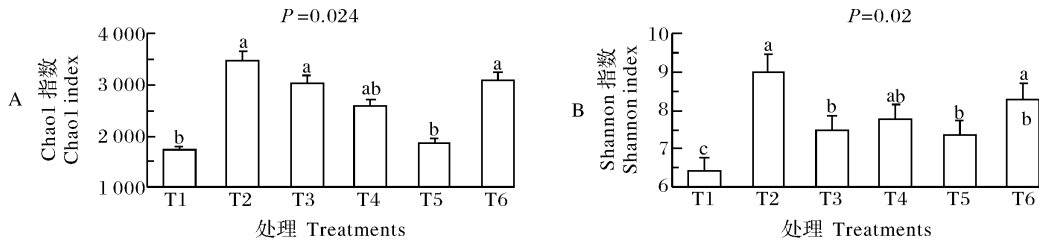


图 4 不同处理蛭石细菌多样性指数

Fig.4 Alpha diversity indexes of soils in different treatments

生菌素复合处理蛭石细菌 Shannon 指数均显著降低 ($P < 0.05$)。

相对于 T6 (表 2), T1~T5 分别有 112、112、88、100 和 58 个属显著变化, 其中 T2 处理上调数量最多 (55)、T5 上调数量最少 (25); T1 中下调数量最多 (74)、T4 处理下调最少 (0)。在这些属当中, 92 个属 (49.5%) 存在于所有 6 个处理, 仅少数 (1~20) 存在不同处理的交集中 (图 5)。

表 2 不同处理丰度发生显著性变化属的数量

Table 2 Number of genera with significant changes in different treatments

类别 Catagory	T1	T2	T3	T4	T5
上调 Up-grade	38	55	29	30	25
下调 Down-grade	74	57	59	0	33
总共 Total	112	112	88	30	58

注 Note: 表中数据代表各处理中与对照比较显著变化的属的数量。The data representing the number of significantly changed genera in each treatment comparing to the control.

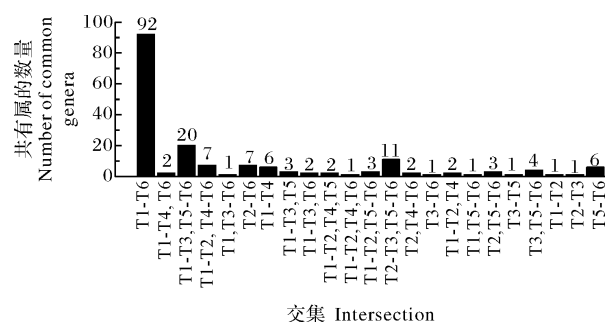
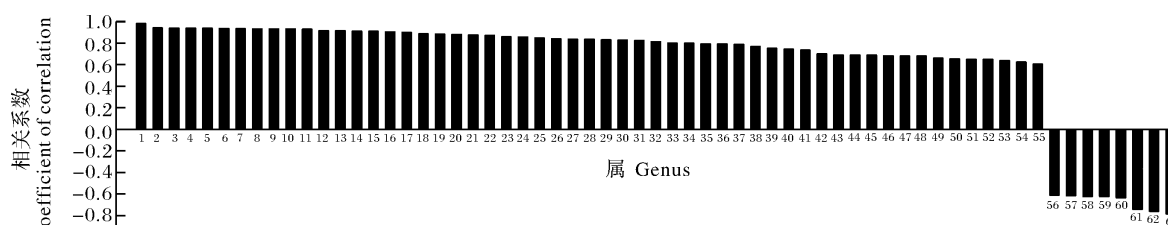


图5 不同处理在属水平交集的数量

Fig.5 Number of genera in intersection between different treatments



1. *Mesorhizobium*; 2. *Solirubrobacter*; 3. *Acidipila*; 4. *Ellin 6067*; 5. *Asticcacaulis*; 6. *IMCC 26256*; 7. *Pelomonas*; 8. *Xanthobacter*; 9. *Sphingomonas*; 10. *Pseudolabrys*; 11. *Luteimonas*; 12. *Kribbella*; 13. *Unclassified-Sphingomonas*; 14. *Acinetobacter*; 15. *AKYG 1722*; 16. *Rhodanobacter*; 17. *Elstera*; 18. *Unclassified-Pedospaeraceae*; 19. *Dyella*; 20. *Ideonella*; 21. *Polycyclovorans*; 22. *Methyloversatilis*; 23. *Jatrophihabitans*; 24. *Mizugakiibacter*; 25. *Tumebacillus*; 26. *Methylobacillus*; 27. *Unclassified-Rhodanobacter*; 28. *Geothrix*; 29. *Intrasporangium*; 30. *Nitrosospora*; 31. *Afipia*; 32. *Hyphomicrobium*; 33. *Luteibacter*; 34. *Micromonospora*; 35. *Rhizobium*; 36. *Terrabacter*; 37. *Nitrobacter*; 38. *Angustibacter*; 39. *Candidatus_Kaiserbacteria*; 40. *Arenimonas*; 41. *Longimicrobium*; 42. *Mycobacterium*; 43. *Gemmatismonas*; 44. *Unclassified-Vermiphilaceae*; 45. *Sporolactobacillus*; 46. *Promicromonospora*; 47. *Paucibacter*; 48. *Aquabacterium*; 49. *Marmoricola*; 50. *Effusibacillus*; 51. *Lysobacter*; 52. *Leifsonia*; 53. *Humibacter*; 54. *Amycolatopsis*; 55. *Nocardioideis*; 56. *Methylophilus*; 57. *Microbacterium*; 58. *Achromobacter*; 59. *MM2*; 60. *Noviherbaspirillum*; 61. *Pedobacter*; 62. *Paenarthrobacter*; 63. *Dyadobacter*.

图6 蛭石中链霉菌与其他细菌相关性分析

Fig.6 Analysis of correlation of soil *Streptomyces* with other bacteria

3 讨论

马铃薯疮痂病是既可种传、也可土传的病害,但蛭石栽培的脱毒微型薯疮痂病菌主要来源于蛭石菌。因此,清除蛭石中的病原菌对防控微型薯疮痂病非常关键。棉隆是一种广谱性农药,在土壤中能分解出异硫氰酸甲酯、甲醛和硫化氢等物质,对土壤中线虫、真菌、细菌等均有杀灭作用,实践证明其对生姜青枯病^[15]等具有较好的效果,但对土壤微生物多样性和土壤酶活性有抑制作用^[14]。本研究通过田间试验,探索棉隆消毒及与生物药剂联合使用对蛭石栽培微型薯疮痂病的防控效果,并对其微生态效应进行了分析。结果证明,棉隆消毒与青霉菌34107灌根联合使用,对微型薯疮痂病防控效果最好,高于棉隆与中生菌素联合使用,也高于单用棉隆,商品微型薯数量、产值和经济效益也明显增加。同时,蛭石中假单胞杆菌等有益微生物显著提升、微

2.4 蛭石中链霉菌与其他细菌相关性分析

相关性分析($P < 0.01, R > 0.6$)结果显示(图6),蛭石中链霉菌丰度与55个属细菌呈显著正相关,相关性最大前5位分别是中慢生根瘤菌(*Mesorhizobium*, $r = 0.9795$)、*Solirubrobacter* ($r = 0.9399$)、*Acidipila* ($r = 0.9390$)、*Ellin 6067* ($r = 0.9374$)、包层不黏柄菌(*Asticcacaulis*, $r = 0.9363$),而与*Dyadobacter* ($r = -0.7832$)、*Pedobacter* ($r = -0.7599$)、*Paenarthrobacter* ($r = -0.7422$)等8个属丰度呈显著负相关。

生态多样性也相比单用棉隆有显著提升,说明棉隆消毒与青霉菌联合使用防控蛭石栽培的微型薯疮痂病具有较好的经济和生态效应。由于蛭石栽培的微型薯疮痂病源主要来源于蛭石,因此,消灭蛭石中病原菌,对于防控该病非常关键。但单用棉隆消毒,可能不能完全杀灭蛭石中的病原菌,残存的病原菌可能会导致部分微型薯发病,而生物菌剂灌根可以起到抑制病原菌感染,同时也能促进土壤微生物多样性发展。所以,棉隆与生物菌剂联用取得较好的效果。长期以来,马铃薯疮痂病的防控主要以喷施农用硫酸链霉素为主,但由于交互抗性和环境食品安全等问题,2016年农业农村部已经严禁其在农业上应用。由于缺乏经济有效的防控方法,马铃薯疮痂病成为原种繁育的关键制约因子。本研究结果通过联合棉隆消毒和青霉菌生物防治对微型薯疮痂病取得较好的防效,对保障马铃薯原种繁育具有

积极意义。

最近的研究发现,马铃薯疮痂病的发生与土壤细菌数量、种类和丰富度相关^[20],然而,本研究发现蛭石中变形菌门的数量在处理后无显著减少、反而有所增加,而与前人研究结果^[20]相同的是,放线菌门数量有明显减少,放线菌门减少主要是链霉菌数量减少,链霉菌在对照处理中占比很高,达到3.23%,这可能是蛭石中疮痂病发生严重的关键因素^[18]。通过相关性分析,我们发现链霉菌的丰度与55个属的细菌呈正相关,例如与中慢生根瘤菌的相关性达到0.979 5,呈极显著正相关($P < 0.001$),说明疮痂病的发生与蛭石中微生物密切相关,并且可能是多种微生物互作的结果^[13]。因此,对土传性病害的防控,不仅要减少病原菌的数量,同时也要恢复和重建健康土壤微生态,保持土壤微生态健康环境。

参考文献 References

- [1] 李辉尚,孔繁涛. 马铃薯2016年市场分析及2017年市场预测[J]. 农产品市场周刊,2017(4):38-41. LI H S, KONG F T. Market analysis of 2016 and prediction of 2017 of potato[J]. Farm product market weekly,2017(4):38-41 (in Chinese).
- [2] 卢肖平. 马铃薯主粮化战略的意义、瓶颈与政策建议[J]. 华中农业大学学报(社会科学版),2015(3):1-7. LU X P. Strategy of potato as staple food: significance, bottlenecks and policy suggestions[J]. Journal of Huazhong Agricultural University (social sciences edition),2015(3):1-7 (in Chinese with English abstract).
- [3] 梁宏杰,吕和平,吴雁斌,等. 2014—2018年我国马铃薯病虫害防治农药登记现状分析[J]. 甘肃农业科技,2019(8):65-72. LIANG H J, LÜ H P, WU Y B, et al. Analysis on pesticide registration status for control of potato diseases insect pests and weeds in China in 2014—2018[J]. Gansu agricultural science and technology,2019(8):65-72(in Chinese with English abstract).
- [4] LORIA R, BUKHALID R A, FRY B A, et al. Plant pathogenicity in the genus *Streptomyces* [J]. Plant disease, 1997, 81(8):836-846.
- [5] BRAUN S, GEVENS A, CHARKOWSKI A, et al. Potato common scab: a review of the causal pathogens, management practices, varietal resistance screening methods, and host resistance[J]. American journal of potato research,2017,94:283-296.
- [6] 张涵辉,杜志贵. 义乌市马铃薯疮痂病发生原因及防控措施[J]. 中国植保导刊,2010,30(5):26-27. ZHANG H H, DU Z G. Causes and control methods of potato common scab in Yiwu City[J]. China plant protection,2010,30(5):26-27(in Chinese).
- [7] 张建平,尹玉和,同任沛,等. 内蒙古马铃薯疮痂病发生与防治途径[J]. 中国马铃薯,2013,27(1):56-59. ZHANG J P, YIN Y H, YAN R P, et al. Occurrence and control approach of potato common scab (*Streptomyces* spp.) in Inner Mongolia[J]. Chinese potato journal,2013,27(1):56-59(in Chinese with English abstract).
- [8] 邱雪迎,马丹丹,赵伟全,等. 微型薯蛭石基质中疮痂病原鉴定及菌药协同防治探索[J]. 河南农业科学,2019,48(3):83-89. QIU X Y, MA D D, ZHAO W Q, et al. Pathogen identification and synergistic control tests of minituber common scab disease in vermiculite substrate[J]. Journal of Henan agricultural sciences,2019,48(3):83-89(in Chinese with English abstract).
- [9] WANNER L A. A patchwork of *Streptomyces* species isolated from potato common scab lesions in North America[J]. American journal of potato research,2009,86:247-264.
- [10] 张建平,刘佳,哈斯,等. 马铃薯疮痂病菌(*Streptomyces* spp.)的鉴定[J]. 中国马铃薯,2018,32(5):308-314. ZHANG J P, LIU J, HA S, et al. Identification of *Streptomyces* spp. causing common scab[J]. Chinese potato journal,2018,32(5):308-314(in Chinese with English abstract).
- [11] JANSE J D. A *Streptomyces* species identified as the cause of carrot scab[J]. Netherlands journal of plant pathology,1988,94(6):303-306.
- [12] KHATRI B B, TEGG R S, BROWN P H, et al. Temporal association of potato tuber development with susceptibility to common scab and *Streptomyces scabiei*-induced responses in the potato periderm[J]. Plant pathology,2011,60:776-786.
- [13] SHI W, LI M, WEI G, et al. The occurrence of potato common scab correlates with the community composition and function of the geocaulosphere soil microbiome[J/OL]. Microbiome, 2019, 7(1): 14 [2021-02-15]. <https://microbiomejournal.biomedcentral.com/articles/10.1186/s40168-019-0629-2>.
- [14] 运翠霞,严昌荣,徐明泽,等. 不同消毒方式对土壤酶活性及土传病原菌消减的影响[J]. 中国农业大学学报,2020,25(12):86-96. YUN C X, YAN C R, XU M Z, et al. Effects of different soil disinfection methods on soil enzyme activities and soil-borne diseases[J]. Journal of China Agricultural University, 2020,25(12):86-96(in Chinese with English abstract).
- [15] 胡洪涛,朱志刚,杨靖钟,等. 不同处理对高山凤头姜姜瘟病的防效及土壤细菌群落结构和功能的影响[J]. 微生物学通报,2020,47(6):1763-1775. HU H T, ZHU Z G, YANG J Z, et al. Effect of treatments on bacterial wilt of ginger at high mountain area and soil bacterial community[J]. Microbiology China,2020,47(6):1763-1775(in Chinese with English abstract).
- [16] 张伯虎,张锋,问亚军,等. 两种杀线剂对西瓜田根结线虫的防效试验[J]. 黑龙江农业科学,2017(7):35-37. ZHANG B H, ZHANG F, WEN Y J, et al. Experiment on the control effect of two kinds of nematocides in the watermelon field[J]. Heilongjiang agricultural sciences,2017(7):35-37(in Chinese with English abstract).
- [17] 胡洪涛,朱志刚,焦忠久,等. 棉隆土壤消毒对高山甘蓝根肿病的防效及土壤真菌群落的影响[J]. 华中农业大学学报,2019,38(3):25-31. HU H T, ZHU Z G, JIAO Z J, et al. Effects of soil disinfection by dazomet on control efficacy of cabbage clubroot disease and its effect on soil fungal communities in high mountain area[J]. Journal of Huazhong Agricultural University, 2019, 38(3): 25-31 (in Chinese with English abstract).

- [18] 李玉聪,李滨影,油心怡,等.马铃薯疮痂病拮抗菌的筛选鉴定及防治效果初探[J].生物技术通报,2018,34(10):116-121.LI Y C,LI B Y,YOU X Y,et al. Screening,identification and bio-control effect of antagonistic bacteria on potato common scab[J]. Biotechnology bulletin,2018,34(10):116-121(in Chinese with English abstract).
- [19] LANGILLE M G I,ZANEVELD J,CAPORASO J G,et al. Predictive functional profiling of microbial communities using 16S rRNA marker gene sequences[J]. Nature biotechnology, 2013,31(9):814-821.
- [20] 熊恂梓,钞亚鹏,赵盼,等.不同生境马铃薯根际土壤细菌多样性分析[J].微生物学报,2020,60(11):2434-2449.XIONG M Z,CHAO Y P,ZHAO P,et al. Comparison of bacterial diversity in rhizosphere soil of potato in different habitats[J]. Acta microbiologica sinica,2020,60(11):2434-2449(in Chinese with English abstract).

Control efficacy of different treatments on common scab of minituber cultured in vermiculite and microecological effects

HU Hongtao¹, ZHU Zhigang¹, ZHOU Ronghua¹,
YANG Jingzhong¹, CAI Xingkui², YAN Dongdong³

1. Hubei Biopesticide Engeneering Research Center, Wuhan 430064, China;

2. College of Horticulture & Forestry Sciences, Huazhong Agricultural University, Wuhan 430070, China;

3. Institute of Plant Protection of Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100193, China

Abstract Control effects of six different treatments on common scab of minituber cultured in vermiculite were evaluated through field experiment, and high-through sequencing technology of 16S ribosomal genes was employed to studied changes in community structure of bacteria. The results showed that the treatment of dazomet+*Penicillium* 34107 had the best control effect (93.43%), which was significantly greater than the Zhongshengmycin control (65.10%), and had the highest amount of commercial minitubers and economic profit of 3.483×10^6 tuber/hm² and $\text{¥}3.570 \times 10^5$ /hm², respectively. The relative abundance of Proteobacteria, Actinobacteria and Bacteroidetes were the highest in all treatments, but varied in a greater range among different treatments. Except for the treatment of *Penicillium* 34170, the diversity indexes of bacteria of all the others decreased, however, that of dazomet+*Penicillium* 34107 was higher than Zhongshengmycin and significantly higher than dazomet ($P < 0.05$). Statistic analysis demonstrated that a total of 185 genera had significant changes in abundance ($P < 0.05$), of which 92 (49.7%) were common in all treatments. The treatments of dazomet and *Penicillium* 34107 had the largest number of significantly changed genera (112), while dazomet+*Penicillium* 34107 had the smallest number of only 30 genera that were significantly increased. The abundance of the beneficial bacterium (*Pseudomonas*) was significantly increased in the treatments of both *Penicillium* 34107 and dazomet+*Penicillium* 34107, indicating that *Penicillium* 34107 applied individually, or especially with dazomet can promote propagation of beneficial bacteria in vermiculite. Correlation analysis showed that *Streptomyces* was significantly positively correlated with 55 genera ($P < 0.05, r > 0.6$), including *Mesorhizobium*, *Solirubrobacter*, and *Asticcacaulis*, et al, while negatively correlated with 8 genera ($P < 0.05, r < -0.6$), including *Dyadobacter*, *Pedobacter*, *Paenarthrobacter*, et al. The above results illustrated that soil disinfection combined with *Penicillium* 34107 had the best control effect on common scab of minituber, and meantime, improved the bacterial diversity and promoted beneficial bacteria. In addition, *Streptomyces* was closely correlated with multiple kinds of soil bacteria. These results provide a good method and theoretical basis for the control of common scab of minituber.

Keywords potato common scab; dazomet; soil disinfection; *Penicillium*; microbial diversity; high through-put sequencing of 16S ribosomal genes

(责任编辑:边书京)