

吴罡腾,朱剑辉,李荣喜,等. 甘蔗凤梨轮作对根际土壤细菌群落的影响[J]. 江苏农业科学,2023,51(16):202-209.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2023.16.028

甘蔗凤梨轮作对根际土壤细菌群落的影响

吴罡腾^{1,2}, 朱剑辉², 李荣喜¹, 贺立红², 董 斌¹, 刘 文¹

(1. 广东农工商职业技术学院热带农林学院, 广东广州 510507; 2. 仲恺农业工程学院农业与生物学院, 广东广州 510225)

摘要:为了揭示甘蔗凤梨不同耕作方式对根际土壤中细菌群落的影响,本研究借助高通量测序技术,对未耕作(CK)、甘蔗连作(S)、凤梨连作(P)、甘蔗-凤梨轮作(SP)和凤梨-甘蔗轮作(PS)5种耕作方式的根际土壤样品进行16S rDNA 测序分析。结果表明,与未耕作组相比,甘蔗和凤梨连作后 OTU 分别为1 207 个和1 353 个,土壤细菌的 OTU 呈上升趋势;甘蔗和凤梨轮作(PS、SP)后 OTU 下降,分别为1 067 个和1 048 个;轮作与连作相比,特有的 OTU 明显降低。与连作相比,轮作可以提高酸杆菌门、簇骨菌门、未辨别出的 AD3 菌属以及未辨别出的酸杆菌属的相对丰度,同时能够降低拟杆菌门、浮霉菌门、疣微菌门、黄色土源菌属、念珠菌属以及未辨别出的芽单胞菌属的相对丰度。通过 BugBase 表型预测,轮作可以提高土壤中好氧细菌和细菌在生物膜形成上的相对丰度,同时能够降低厌氧细菌的相对丰度。这些有益菌的富集,抑制了病原菌的活性,导致细菌菌落物种数量的减少和丰度的降低,影响土壤中的细菌群落结构组成。因此,甘蔗凤梨轮作可以改善土壤中细菌的群落结构,有效缓解甘蔗/凤梨的连作障碍。

关键词:甘蔗;凤梨;轮作;土壤细菌;群落结构;连作障碍

中图分类号:S154.3;S182;S344.1 **文献标志码:**A **文章编号:**1002-1302(2023)16-0202-08

甘蔗和凤梨是我国热带地区重要的 2 种热带经

收稿日期:2022-09-04

基金项目:广东省高校重点科研平台项目(编号:2019KZDZX2035、2020GCZX009);广东省甘蔗剑麻产业技术体系创新团队项目(编号:2021KJ104-10);广东农工商职业技术学院热带作物应用技术协同创新中心建设项目(编号:XJZX1902);广州市基础研究计划基础与应用基础研究项目(编号:202102080555、202102080544);广东省普通高校特色创新项目(编号:2019GKTSCX055)。

作者简介:吴罡腾(1998—),男,广东梅州人,硕士研究生,研究方向为作物遗传育种。E-mail:1225539138@qq.com。

通信作者:董 斌,博士,副教授,主要从事作物学、园林植物应用研究,E-mail:bbeenn@163.com;刘文,博士,讲师,主要从事热带作物种质资源保护与利用研究,E-mail:wenliu@gdaib.edu.cn。

济作物。甘蔗是一种重要的热带和亚热带无性繁殖作物,在全球多个地区都有广泛种植,其糖产量约占目前世界糖总产量的 80%^[1]。除了作为制糖原料外,它也是乙醇和柴油的最有效原料,已经被公认为重要的能源和生物燃料作物,其产量占世界生物燃料总产量的 40%。此外,从甘蔗生产中也可获得其他有价值的副产品,如纸张、生物酶等^[2]。凤梨别称菠萝,含有大量的生物活性化合物、膳食纤维、矿物质和营养元素,此外它在抗炎、抗氧化活性、监测神经系统功能等方面也发挥着重要功能,对人体健康有不少的益处^[3]。国际市场对菠萝的需求很大,仅在香蕉和柑橘之后,排名第三。其副

learning for dense prediction tasks;a survey[J]. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence,2022,44(7):3614-3633.

[14] LeCun Y, Bottou L, Bengio Y, et al. Gradient-based learning applied to document recognition[J]. Proceedings of the IEEE, 1998,86(11):2278-2324.

[15] Krizhevsky A, Sutskever I, Hinton G E. ImageNet classification with deep convolutional neural networks[J]. Communications of the ACM,2017,60(6):84-90.

[16] Simonyan K, Zisserman A. Very deep convolutional networks for large-scale image recognition[EB/OL]. [2022-09-05]. <https://arxiv.org/abs/1409.1556>.

[17] Szegedy C, Liu W, Jia Y Q, et al. Going deeper with convolutions

[C]//2015 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR). June 7-12, 2015, Boston, MA, USA. IEEE, 2015:1-9.

[18] He K M, Zhang X Y, Ren S Q, et al. Deep residual learning for image recognition[C]//2016 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR). June 27-30, 2016, Las Vegas, NV, USA. IEEE, 2016:770-778.

[19] Hu J, Shen L, Sun G. Squeeze-and-excitation networks[C]//2018 IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition. June 18-23, 2018, Salt Lake City, UT, USA. IEEE, 2018:7132-7141.

[20] Lin M, Chen Q, Yan S C. Network in network[EB/OL]. 2013: arXiv:1312.4400. <https://arxiv.org/abs/1312.4400>

产品可生产蛋白酶、纤维素纳米晶体,也可以作葡萄酒、有机酸的原料,在食品、纺织工业等方面潜力巨大^[4]。

微生物是土壤中最活跃的组成部分,不仅推动着土壤中物质以及养分的循环转化,同时也维持着土壤生态系统的稳定 and 平衡^[5]。细菌是土壤微生物中重要的组成部分,其群落结构组成的变化能够反映土壤性质以及微生态的改变趋势^[6],还会直接影响农作物的生长和最终产量^[7]。不同经济作物连作的研究表明,连作会导致土壤微生物群落的结构和土壤理化性质的变化。百香果连作会随着年限的增加,导致土壤的 pH 值不断下降,微生物类群会从细菌型向真菌型转化^[8];马铃薯连作会导致土壤细菌中变形菌门、放线菌门以及酸杆菌门等优势菌门相对丰度的改变,并降低有益真菌如种群子囊菌门的数量^[9];甘蔗连作会导致根际土壤氮和硫循环功能相关的细菌减少,有效氮含量、总硫含量、蔗糖含量以及最终产量降低^[10];凤梨连作则会导致土壤中细菌群落多样性指数升高,提高门、属水平土壤细菌群落的相对丰度,土壤 pH 值也随之降低^[11]。

作物轮作是缓解连作障碍发生的有效防治方法之一^[12],对土壤会产生积极影响,利于有益菌的富集,改善土壤的微生态和减少土壤病害的发生,能给农作物产量的增加和品质的提升提供助力。不同作物与甘蔗轮作后,可以显著改善种植条件和降低作物病害的发生。甘蔗与花生轮作可提高有益菌数量和土壤酶活性^[13],甘蔗与玉米轮作可提高土壤中全氮、有效磷等土壤养分含量^[14],甘蔗与香蕉的轮作可促进香蕉生长,降低香蕉枯萎病的发病率^[15],甘蔗与大豆的轮作则可增加细菌和古菌生物量并抑制硝化微生物的活性^[16]。关于与凤梨轮作种植的报道则较少,但轮作后可以显著改善作物的种植环境。凤梨与桉树轮作利于土壤团聚体形成、增大土壤透性^[17],凤梨与香蕉轮作可以显著增加根际中具有生防作用和促生作用的有益菌数量^[18]。凤梨与甘蔗之间进行轮作是一个比较成熟的轮作模式,前期已有研究表明,这种轮作方式可以提高菠萝和甘蔗的产量和产值,同时也提高了地力,减少肥料的使用量,降低生产成本^[19]。

本研究利用高通量测序技术,通过比较不同耕作方式下,甘蔗/凤梨轮作和甘蔗/凤梨连作细菌群落之间的差异,分析根际土壤细菌群落结构的变化规律,旨在为改良甘蔗和菠萝产区的土壤环境状

况、选择出合理的耕作方式以及土壤中根际促生菌的开发和利用提供一定的理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

甘蔗品种为桂糖 49,凤梨品种为台农 16。

1.2 试验方法

1.2.1 试验设计 以甘蔗与凤梨为试验种植作物,试验地点位于广东省湛江市广垦糖业现代农业中心(109°40′~110°25′E,21°00′~20°31′N)。于 2019 年 2 月和 2020 年 2 月开展种植试验,设置未耕作作物组(CK)、凤梨连作组(P)、甘蔗连作组(S)、凤梨—甘蔗轮作组(PS)、甘蔗—凤梨轮作组(SP)共 5 种耕作方式,采用随机区组排列,进行 3 次重复试验。

1.2.2 样品采集 在 2021 年 7 月选择不同耕作方式下的各区组,随机采集附着于种植区作物地下部分的土壤样品,做好对应标记后立即置于干冰中进行低温保存,随后将采集到的所有样品及时送至北京百迈客生物科技有限公司进行测序。

1.2.3 建库测序与数据预处理 提取样品的总 DNA 后,根据全长引物序列合成带有条形码的特异引物,进行 PCR 扩增并对其产物进行纯化、定量和均一化形成测序文库,对建好的文库进行质检,合格的文库用 PacBio Sequel 进行测序。通过 smrtlink 分析软件将 PacBio Sequel 下机数据导出为 CCS 文件,并根据条形码序列识别不同样品的数据并转化为 FASTQ 格式数据。对 PacBio Sequel 下机数据导出的 CCS 文件进行数据预处理,进行 CCS 识别、过滤以及去除嵌合体,分别得到原始序列数据、过滤的序列数据以及最终的有效序列数据。

1.2.4 测序数据分析 使用 Usearch 软件,选择相似度水平不低于 97.0% 的测序序列进行聚类获得分类操作单位(OTU)并绘制样品的差异韦恩(Venn)图;通过序列数、长度、覆盖度、细菌稀释曲线对测序数据进行评价;以 SILVA 为参考数据库使用朴素贝叶斯分类器对特征序列进行分类学注释,得到分类信息并统计不同样品的群落组成,用 QIIME 软件生成不同分类水平上的物种丰度后用 R 语言绘制不同样品的群落结构图;使用 QIIME 2 软件对不同样品细菌的 α 多样性指数进行评估,包括 ACE 指数、Chao1 指数、Shannon 指数以及 Simpson 指数;以 binary-jaccard 算法计算不同样品间的矩

阵距离,构建非加权组平均法(UPGMA)聚类树;利用主坐标分析(PCoA)法展示不同样品的差异;基于不同样本的 OTU,使用 BugBase 软件进行细菌的表型预测分析。

2 结果与分析

2.1 根际土壤细菌基因组测序评价

根际土壤细菌基因组测序结果见表 1,通过不同样品的序列数、序列长度等测序的参数对其进行评价。试验中所有样品经过质控后,样品平均序列长度基本在 1 400 bp 以上,有效率都在 85% 以上(表 1)。随着测序数量的增加,不同样品的稀释性曲线均已趋于平缓(图 1),土壤中的细菌种类并不会随测序数量的增多而显著增加,表明各样本测序量已经足够充分。所有样品的测序结果较好,可以进行后续数据分析。

表 1 样品测序数据处理结果统计

处理	原始序列数	过滤后序列数	有效序列数	平均序列长度(bp)	有效率(%)
CK	12 574	11 100	11 088	1 450	89.35
P	12 124	10 452	10 988	1 448	85.86
S	13 024	11 314	11 208	1 447	86.06
PS	12 417	10 945	10 927	1 440	88.00
SP	12 961	11 367	11 351	1 448	87.58

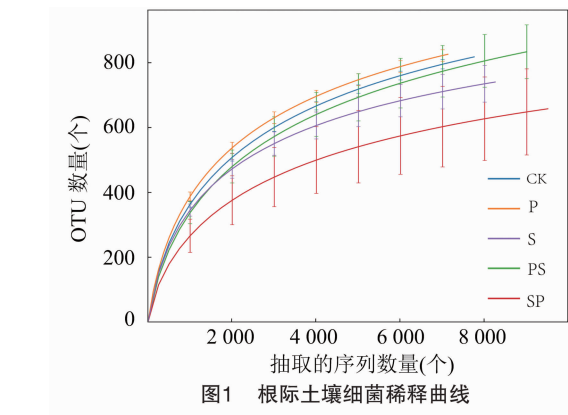


图1 根际土壤细菌稀释曲线

2.2 不同耕作方式下土壤细菌 OTU 分布

根据 97% 的序列相似性水平进行聚类,获得不同样品的 OTU,所有样品共产生 1 798 个 OTU。由图 2 所有样品的 OTU 可知,连作与未耕作组相比,甘蔗连作组的 OTU 数量较少,凤梨连作组的 OTU 则较高,这表明甘蔗连作可减少土壤中细菌物种数量,而凤梨轮作增加了土壤中细菌物种数量。轮作组的 OTU 数量均低于未耕作组和连作组,表明轮作能够降低根际土壤中细菌的物种数量。

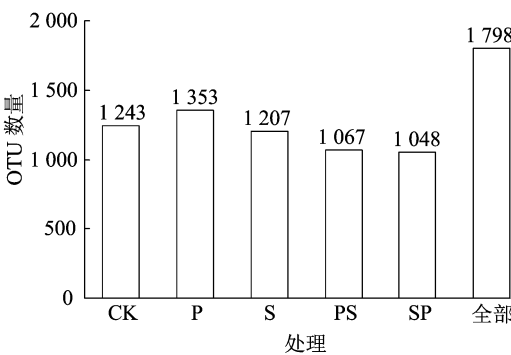


图2 根际土壤细菌的 OUT 数量

通过 Venn 图的绘制,发现所有样品共有的 OTU 为 484 个,占总体 OTU 的 26.92% (图 3)。甘蔗连作与凤梨连作的特有 OTU 分布中,P 处理特有 OTU 为 394 个,S 处理特有 OTU 为 248 个,这表明对土壤中细菌数量的变化与连作的作物有关。轮作特有 OTU 分布中,SP 特有 OTU 为 259 个,PS 特有 OTU 为 280 个,这表明轮作时种植作物相同但前茬作物不同时,仍然存在一定程度的差异。与 CK 相比,不同耕作组特有的 OTU 也存在差异,PS 独有的 OTU 为 291 个,SP 独有的 OTU 为 281 个,S 独有的 OTU 为 345 个,P 独有的 OTU 为 340 个,这表明凤梨与菠萝之间轮作中特有 OTU 数量明显低于甘蔗连作与凤梨连作。因此,同连作相比,轮作可以有效降低根际土壤中的细菌特有种类数量。

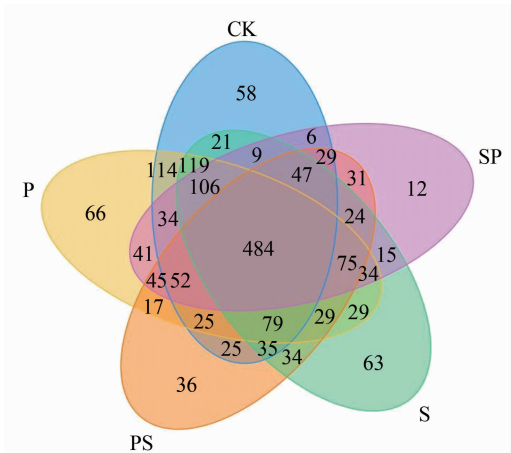


图3 根际土壤细菌的 OTU 分布韦恩图

2.3 不同耕作方式下根际土壤细菌 α 多样性分析

不同耕作方式下,土壤样品细菌群落 α 多样性会发生不同程度的改变(表 2)。所有样品的覆盖率均超过 97%,表明绝大部分细菌种群都被检测出来。根际土壤中细菌的菌群丰度可以通过 ACE 和 Chao1 指数进行估算,数值越高则代表着菌群的丰

度越高。在不同耕作方式下,所有样品的 ACE 指数为 814.940 7 ~ 1 035.633 7, Chao1 指数为 804.484 8 ~ 1 054.644 1。不同轮作下,发现甘蔗连作的 ACE 指数和 Chao1 指数都高于未耕作组,而凤梨连作却略低于未耕作组,这表明不同作物的轮作对根际土壤细菌的菌种丰度的影响不同,既可以降低也可以提高。与未耕作组、连作组相比,轮作组样品的 ACE 指数和 Chao1 指数都有所降低,这表明轮作可以有效降低根际土壤细菌菌群的丰度。根际土壤中的物种多样性则可用 Shannon 指数和 Simpson 指数来衡量,其数值越大则代表物种的多样性越高。在不同耕作方式下,所有样品的 Shannon 指数为 6.656 6 ~ 8.403 8, Simpson 指数为 0.913 1 ~ 0.992 7。与未耕作组相比,其他 4 组处理样品的 Simpson 指数都有所降低,表明连作和轮作都可以降低土壤中的菌落多样性。甘蔗-凤梨轮作的 Simpson 指数和 Shannon 指数远低于其他样品,而凤梨-甘蔗轮作的 Simpson 指数和 Shannon 指数虽然有所降低,但基本和 CK 相差不大,这表明虽然轮作的作物相同,但轮作方式的不同也会造成土壤中细菌的多样性变化不一致。

2.4 不同耕作方式下根际土壤细菌群落组成及相对丰度分析

在门分类水平的细菌群落组成上(图 4),不同耕作模式下的 10 个优势菌门分别是变形菌门

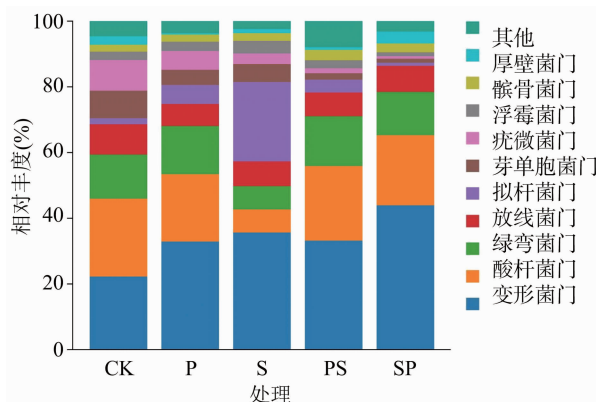


图4 根际土壤细菌在门水平上的相对丰度

在属分类水平的细菌群落组成上(图 5),不同耕作模式下的 10 个优势菌属分别是褚氏杆菌属(0.10% ~ 22.91%)、黄色土源菌属(0.06% ~ 16.53%)、念珠菌属(0.02% ~ 7.48%)、未辨别出的酸杆菌(1.76% ~ 7.42%)、未辨别出的 JG30 - KF - AS9 菌属(0.61% ~ 7.14%)、未辨别出的 AD3 菌属(2.45% ~ 6.68%)、未辨别出的 Elsterales 菌属

表 2 根际土壤细菌 α 多样性指数统计

处理	ACE 指数	Chao1 指数	Shannon 指数	Simpson 指数	覆盖率 (%)
CK	1 035.633 7	1 054.069 0	8.247 5	0.992 7	97.52
P	1 018.113 2	1 028.396 0	8.403 8	0.992 4	97.20
S	1 096.930 6	1 054.644 1	7.721 2	0.974 5	97.51
PS	894.171 2	908.777 2	8.107 3	0.991 8	98.17
SP	814.940 7	804.484 8	6.656 6	0.913 1	98.31

(22.28% ~ 43.94%)、拟杆菌门(0.89% ~ 24.13%)、酸杆菌门(7.02% ~ 23.70%)、绿弯菌门(7.08% ~ 15.13%)、疣微菌门(0.72% ~ 9.31%)、放线菌门(6.72% ~ 9.24%)、芽单胞菌门(1.30% ~ 8.4%)、浮霉菌门(1.20% ~ 3.84%)、厚壁菌门(0.42% ~ 3.60%)、骸菌门(2.11% ~ 3.15%)。这些优势菌门中,耕作后变形菌门的相对丰度均高于未耕作组,这表明轮作与连作均可以提高土壤中变形菌门的相对丰度。不同耕作模式下酸杆菌门和骸骨菌门的相对丰度存在差异,在凤梨连作中占比分别为 20.51%、2.15%,甘蔗连作中占比为 7.02%、2.36%,凤梨-甘蔗轮作中占比 22.70%、3.15%,甘蔗-凤梨轮作中则达到了 21.37%、2.69%,其中轮作的相对丰度均高于连作,这表明轮作与连作相比,能有效提高土壤中酸杆菌门和骸骨菌门的相对丰度。此外,与连作相比,轮作能降低拟杆菌门、疣微菌门和浮霉菌门的相对丰度。

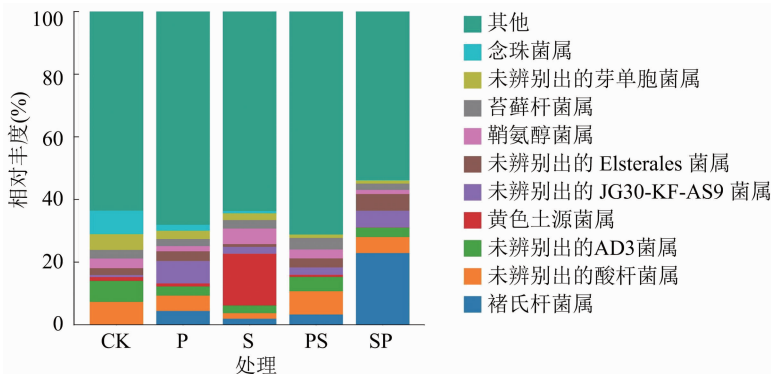


图5 根际土壤细菌在属水平上的相对丰度

AD3 菌属以及未辨别出的酸杆菌属的相对丰度,同时也降低了黄色土源菌属、念珠菌属以及未辨别出的芽单胞菌属的相对丰度。

2.5 土壤细菌群落组成 PCoA 及丰度 UPGMA 聚类分析

利用 PCoA 方法分析不同样品,进一步展示不同耕作模式下样品之间物种多样性的差异(图 6)。其中主成分 1 以及主成分 2 对所有样品的贡献值分别为 26.90%、16.03%。未耕作组与凤梨连作组之间的距离最近,且与甘蔗连作组也相对较近;轮作组与未耕作组、连作组相隔较远。基于 β 多样性并采用 UPGMA 对所有样品进行层次聚类,展示不同耕作模式下样品之间物种组成相似性(图 7)。细菌群落结构相似度高的未耕作组、连作组聚类在一起,另一个分支聚类到的则是轮作组,这与主坐标分析的结果一致。

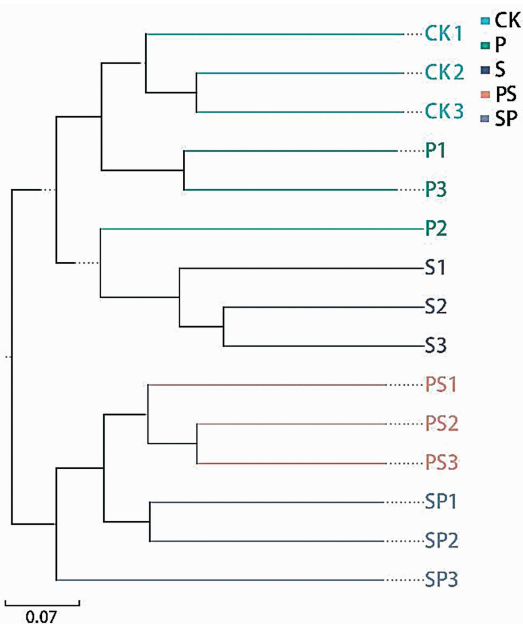


图7 不同处理间 UPGMA 聚类分析结果

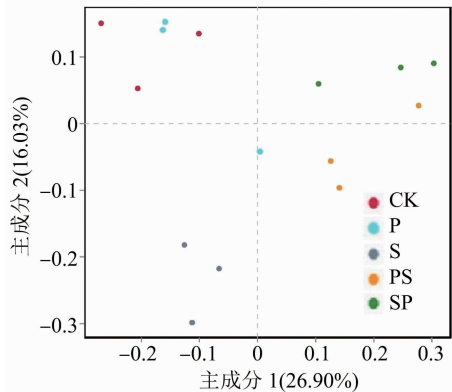


图6 PCoA 分析图

2.6 BugBase 表型预测

基于 16S rRNA 基因序列,利用 BugBase 软件预测不同耕作方式下土壤根际细菌群落的表型变化(图 8)。在好氧细菌相对丰度上,轮作组的相对丰度较其他处理组更高;而在厌氧菌相对丰度上,甘

蔗连作、凤梨连作与未耕作组的相对丰度较高,而轮作组都明显低于其他处理组,尤其是其中的甘蔗—凤梨轮作耕作模式;在兼性厌氧细菌相对丰度上,轮作组的相对丰度低于连作组;在生物膜形成上,连作组相对丰度明显高于其他处理组,而连作组与未耕作组相比,有高有低,这可能由种植不同作物其根系分泌物导致。以上结果表明,与连作相比,轮作可以提高好氧菌的相对丰度,降低厌氧菌和兼性厌氧菌的丰度,并利于细菌细胞生物膜的形成。

3 讨论

土壤是支撑地球生命的关键要素之一,而土壤微生物则是维持植物生物量生产和植物健康的基本组成部分之一。不同耕作模式对细菌群落的影响明显^[20]。在耕作的土壤中,某些细菌类群数量增

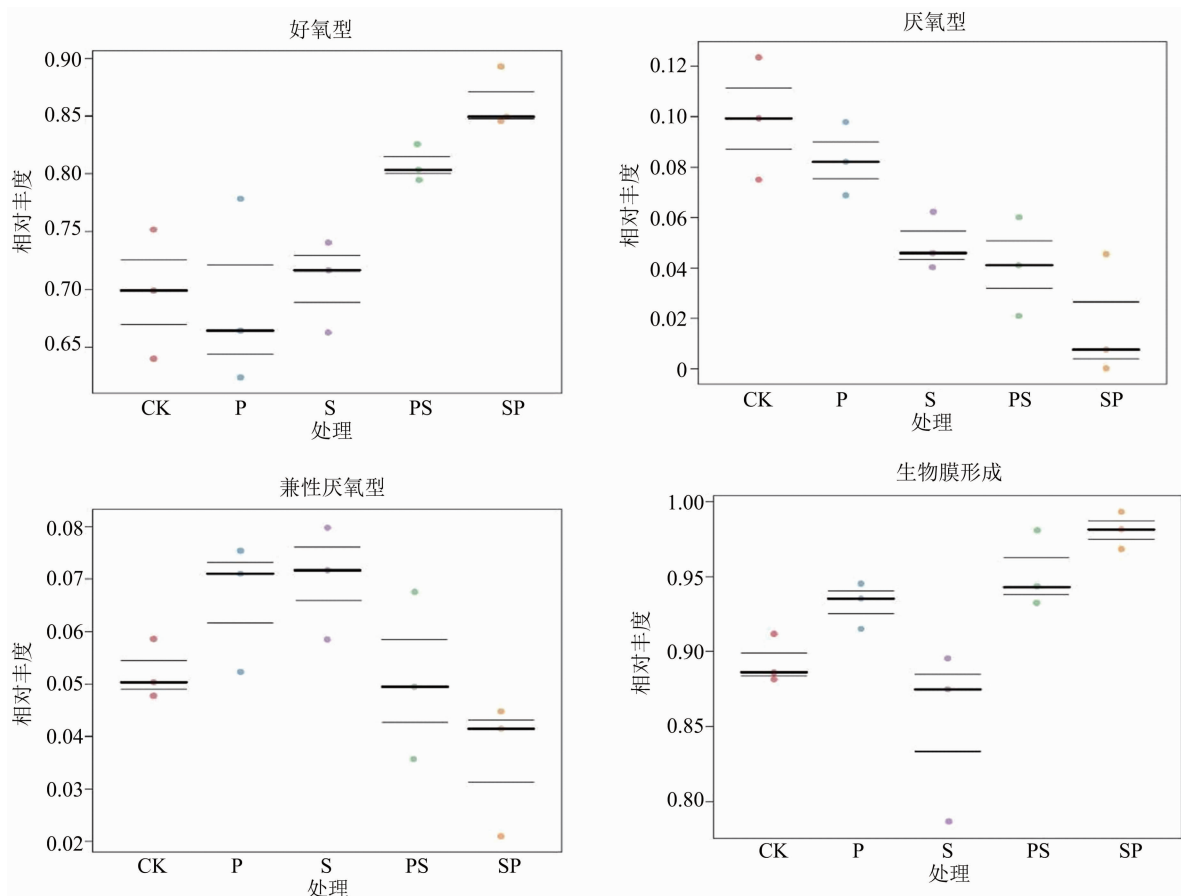


图8 BugBase 表型预测图

加,具有促进植物生长或降解潜在土壤化感物质的作用,与土壤修复密切相关,在缓解土壤病害方面有潜在的应用价值。长期连作导致土壤细菌群落特别是有益菌群的多样性和丰度降低,细菌群落功能的简化是土壤病害发生的主要原因^[21]。甘蔗连作会对不同质地土壤有机碳组分产生不同程度的影响^[22],且连续连作甘蔗会对不同再生年限根际细菌群落特征产生影响^[23];凤梨连续连作会影响菠萝园土壤中养分的比例,导致土壤中可培养微生物数量失调以及菠萝产量的持续下降^[24]。

从 OTU 数量上看,轮作组的 OTU 数量均低于连作组和未耕作组,表明轮作后能够有效降低土壤中细菌的种类数量,这与前人研究发现菠萝—甘蔗轮作后可以降低土壤细菌数量的结论^[19]相符。根据 OTU 分布来绘制 Venn 图以分析所有样本之间共有、特有的 OTU。所有样品共有的 OTU 为 484 个,占总体 OTU 的 26.92%,从轮作独有的 OTU 分布可以发现,凤梨甘蔗之间轮作中特有 OTU 数量明显低于甘蔗连作与凤梨连作,可以有效减少土壤细菌中特有菌群的数量。从细菌 α 多样性相关指数来看,

连作和轮作都可以有效降低土壤中的菌落多样性,而轮作则可以有效降低菌群丰度。此外本研究发现,甘蔗—凤梨轮作比甘蔗连作的降低幅度大于凤梨—甘蔗轮作比凤梨连作的降低幅度,这表明即使轮作种植相同作物时,种植顺序的先后也会影响土壤中细菌的多样性。因此,与连作相比,凤梨与甘蔗轮作可以有效减少根际土壤细菌物种数量并降低物种丰富度。

种植作物的改变可以为某些特异性细菌提供适宜生存环境,而细菌的富集或减少又会影响到种植作物的生长^[25]。与连作不同的是,轮作可以增强有益菌落的富集,并抑制病原菌存活,可实现作物最终稳产增产的目标^[26-27]。本研究通过分析不同耕作模式下的根际土壤细菌群落组成结构及各分类菌落的相对丰度,发现轮作与连作相比,不仅能有效提高土壤中酸杆菌门、鬃骨菌门、未辨别出的 AD3 菌属以及未辨别出的酸杆菌属的相对丰度,同时还降低了土壤中拟杆菌门、疣微菌门、浮霉菌门、黄色土菌属、未辨别出的芽单胞菌属和念珠菌属的相对丰度。这些富集在作物根际土壤附近的菌

种,发挥着不同的作用。发挥积极作用的细菌可以有效改善土壤条件,利于作物的生长。酸杆菌门已经被证实可以抑制外界土壤中 pH 值的降低,且与铁循环、单碳化合物代谢和植物残体降解有关^[28];放线菌门可以提高花椒抗外界胁迫的能力^[29]。但是一些病原菌的富集则不利于作物生长,甚至会导致作物发生病害。其中有研究发现,黄色土源菌属可能与一部分植物病害的发生有关,如在患有黑穗病谷子和发病小麦的根际土壤中会显著富集,并发现不同的谷田轮作模式中这类菌属则会明显减少^[30];念珠菌属在土壤中显著占优的时候,可能会导致单一化群落结构而引起土壤微生态失调,在长期连作的茶树中发现随着种植时长的增加这种菌属的相对丰度也随之增加^[31]。此外,放线菌门、浮霉菌门、疣微菌门、浮霉菌门相对丰度升高利于植物对肥料中养分的吸收,它们都是好氧堆肥过程中共享的优势菌门,彼此之间存在一定的竞争关系^[32-33]。因此,与轮作相比,甘蔗与凤梨之间进行轮作能够提高有益菌种的富集,减少病原菌的富集。

通过 PCoA 及 UPGMA 聚类分析,本研究发现,未耕作组与连作组的根际土壤细菌组成相似性高,表明连作总体上并不会导致群落结构组成发生明显的改变,这可能是因为连作时间较短^[34]。此外,本研究还发现,凤梨连作组与未耕作组相似性更高,表明种植凤梨对土壤的改变能力较弱。前茬种植的农作物对后茬种植作物的生长产生影响,这主要是土壤中水分含量、养分和可利用物质发生了改变,而适宜的轮作顺序可增大土壤的利用率以及农作物产量的提高。本研究发现,甘蔗对土壤微生物的早期影响较大,即使后续种植了凤梨,其改变土壤的能力很有限,细菌的结构组成等都没有产生太大变化;而凤梨对土壤微生物的早期影响较小,在后续种植甘蔗后细菌的结构等都发生了较大变化。这表明虽然轮作植物相同,但种植先后的不同对其菌群相对丰度的影响也不一样,而这可能与前茬作物对土壤的影响程度有关^[25]。

BugBase 表型预测是一种预测复杂微生物组内功能途径的生物水平覆盖以及生物可解释表型的方法。在 BugBase 表型预测上,好氧、厌氧以及兼性厌氧特征性状类群上,轮作组好氧菌落相对丰度较高且厌氧菌落较少,连作组的兼性厌氧菌落相对丰度最高,好氧菌落与未耕作组区别不大。生物膜形成表型相对丰度的增加,对不利的环境胁迫更具有

耐受性^[35]。在生物膜形成表型上,轮作组明显高于其他组,这表明轮作可以改变土壤中微生物类群中细菌表型,而这种表型的转移可以使细菌群落更适应土壤微生态环境。因此,轮作可以改善土壤中的通气情况,利于好氧菌如放线菌等的富集,降低厌氧菌如浮霉菌门等的相对丰度,提高菌落耐受性,从而更利于植株的生长。前人研究发现,与菠萝连作、甘蔗连作相比,进行轮作后在减少土壤中厌氧菌数量的同时,还可有效改善土壤的通气情况并抑制病原厌氧细菌的活性^[36],本研究得出的结论与之基本一致。

本研究主要是通过高通量测序手段,去探究土壤中细菌群落组成的变化,但是土壤的微生态是复杂的,因此需要开展更多的相关研究,如研究根际土壤中真菌的群落结构、种植作物的根际分泌物与土壤微生物之间的互作模式等。这些工作的开展,对甘蔗与凤梨在不同耕作方式下土壤微生态功能的研究都具有重要意义。

4 结论

本研究发现进行甘蔗与凤梨轮作处理,可以改变原本土壤微生物群落结构组成,其改善土壤微生物群落的能力比连作更强。基于 PacBio 测序平台,各处理的根际土壤细菌之间各项数值比较后发现,轮作能够降低土壤中细菌的数量,影响了甘蔗与凤梨种植区根际土壤菌群优势菌门(属)的相对丰度,在富集有益菌的同时降低了病原菌的数量。进行功能预测发现,轮作可以进一步提高好氧菌落在细菌菌落中的比例,降低厌氧菌落在细菌菌落中比例,并更利于细菌生物膜的形成,能够改善土壤中的通气环境。此外,本研究还发现,前茬植物对轮作的影响也不同,其中前茬种植甘蔗对土壤细菌结构构成的影响更大。目前,甘蔗与凤梨轮作的根际土壤微生物细菌门(属)之间的互作模式尚不清楚,而且在轮作模式下真菌等其他微生物的影响也亟待更多的研究结果。

参考文献:

- [1] Budeguer F, Enrique R, Perera M F, et al. Genetic transformation of sugarcane, current status and future prospects[J]. *Frontiers in Plant Science*, 2021, 12: 768609.
- [2] Li R Y, Pang Z Q, Zhou Y M, et al. Metagenomic analysis exploring taxonomic and functional diversity of soil microbial communities in sugarcane fields applied with organic fertilizer[J]. *BioMed Research*

- International,2020,2020:9381506.
- [3] Ali M M, Hashim N, Aziz S A, et al. Pineapple (*Ananas comosus*): a comprehensive review of nutritional values, volatile compounds, health benefits, and potential food products [J]. Food Research International, 2020, 137: 109675.
- [4] Hamzah A F A, Hamzah M H, Man H C, et al. Recent updates on the conversion of pineapple waste (*Ananas comosus*) to value-added products, future perspectives and challenges [J]. Agronomy, 2021, 11 (11): 2221.
- [5] Zhang R Z, Mu Y, Li X R, et al. Response of the arbuscular mycorrhizal fungi diversity and community in maize and soybean rhizosphere soil and roots to intercropping systems with different nitrogen application rates [J]. The Science of the Total Environment, 2020, 740: 139810.
- [6] Singh S R, Yadav P, Singh D, et al. Intercropping in sugarcane improves functional diversity, soil quality and crop productivity [J]. Sugar Tech, 2021, 23 (4): 794–810.
- [7] Yang Y, Dou Y X, An S S. Testing association between soil bacterial diversity and soil carbon storage on the Loess Plateau [J]. Science of the Total Environment, 2018, 626: 48–58.
- [8] 陈晓婷, 王裕华, 林立文, 等. 连作百香果对土壤理化性质和微生物特性的影响及病原真菌的分离与鉴定 [J]. 热带作物学报, 2021, 42 (2): 495–502.
- [9] 谭雪莲, 郭天文, 胡新元, 等. 黄土高原旱作区马铃薯连作根际土壤微生物群落变化特征 [J]. 作物学报, 2022, 48 (3): 682–694.
- [10] Pang Z Q, Dong F, Liu Q, et al. Soil metagenomics reveals effects of continuous sugarcane cropping on the structure and functional pathway of rhizospheric microbial community [J]. Frontiers in Microbiology, 2021, 12: 627569.
- [11] 刘传和, 贺 涵, 何秀古, 等. 不同连作年限菠萝园土壤差异代谢物和细菌群落结构分析 [J]. 生物技术通报, 2021, 37 (8): 162–175.
- [12] Bogužas V, Skinulienė L, Butkevičienė L M, et al. The effect of monoculture, crop rotation combinations, and continuous bare fallow on soil CO₂ emissions, earthworms, and productivity of winter rye after a 50-year period [J]. Plants, 2022, 11 (3): 431.
- [13] 范业赓, 陈荣发, 闫海锋, 等. 甘蔗轮作青饲玉米和花生对甘蔗生长和土壤性状的影响 [J]. 作物杂志, 2021 (1): 104–111.
- [14] 周忠凤, 范业赓, 周慧文, 等. 甘蔗间套种/轮种玉米模式调查与分析 [J]. 广西糖业, 2021 (1): 3–7.
- [15] 赖朝圆, 杨 越, 陶成圆, 等. 不同作物—香蕉轮作对香蕉生产及土壤肥力质量的影响 [J]. 江苏农业学报, 2018, 34 (2): 299–306.
- [16] Paungfoo-Lonhienne C, Wang W J, Yeoh Y K, et al. Legume crop rotation suppressed nitrifying microbial community in a sugarcane cropping soil [J]. Scientific Reports, 2017, 7 (1): 16707.
- [17] 王尚明, 吴学仕, 陈 孝, 等. 农林复合经营研究: 菠萝与桉树轮作对林木生长和土壤的影响 [J]. 热带亚热带土壤科学, 1997, 6 (1): 1–8.
- [18] 袁先福, 孙玉菡, 朱成之, 等. 轮作联用生物有机肥促进香蕉生长 [J]. 应用与环境生物学报, 2018, 24 (1): 60–67.
- [19] 习金根, 吴 浩, 王一承, 等. 菠萝甘蔗轮作生产、生态效益分析研究 [J]. 热带农业科学, 2010, 30 (4): 12–14.
- [20] Bertola M, Ferrarini A, Visioli G. Improvement of soil microbial diversity through sustainable agricultural practices and its evaluation by – omics approaches: a perspective for the environment, food quality and human safety [J]. Microorganisms, 2021, 9 (7): 1400.
- [21] Chen M N, Liu H, Yu S L, et al. Long-term continuously monocropped peanut significantly changed the abundance and composition of soil bacterial communities [J]. PeerJ, 2020, 8: e9024.
- [22] Kusumawati A, Hanudin E, Purwanto B H, et al. Composition of organic C fractions in soils of different texture affected by sugarcane monoculture [J]. Soil Science and Plant Nutrition, 2020, 66 (1): 206–213.
- [23] Gao X N, Wu Z L, Liu R, et al. Rhizosphere bacterial community characteristics over different years of sugarcane ratooning in consecutive monoculture [J]. BioMed Research International, 2019, 2019: 4943150.
- [24] 刘亚男, 马海洋, 张江周, 等. 连作土壤不同施肥水平对菠萝产量和品质的影响 [J]. 广东农业科学, 2014, 41 (21): 71–74.
- [25] 王宏杰, 刘绍东, 刘瑞华, 等. 轮作对棉花根际土壤细菌群落的影响 [J]. 生物技术通报, 2020, 36 (9): 117–124.
- [26] 郑 超, 刘月廉, 谢治国, 等. 菠萝—甘蔗轮作制度对甘蔗生长及土壤生态的影响 [J]. 中国生态农业学报, 2006, 14 (1): 79–80.
- [27] 李万星, 李小霞, 李 丹, 等. 不同轮作模式下旱地番茄土壤理化性质及细菌群落组成特征 [J]. 江苏农业学报, 2022, 38 (4): 949–957.
- [28] 王光华, 刘俊杰, 于镇华, 等. 土壤酸杆菌门细菌生态学研究进展 [J]. 生物技术通报, 2016, 32 (2): 14–20.
- [29] 杨 睿, 李 娟, 龙 健, 等. 贵州喀斯特山区不同种植年限花椒根际土壤细菌群落结构特征研究 [J]. 生态环境学报, 2021, 30 (1): 81–91.
- [30] 牛倩云, 韩彦莎, 徐丽霞, 等. 作物轮作对谷田土壤理化性质及谷子根际土壤细菌群落的影响 [J]. 农业环境科学学报, 2018, 37 (12): 2802–2809.
- [31] 许 广, 王梦姣, 邓百万, 等. 不同植茶年限茶树根际土壤细菌多样性及群落结构研究 [J]. 生物技术通报, 2020, 36 (3): 124–132.
- [32] Semenov M V, Krasnov G S, Semenov V M, et al. Does fresh farmyard manure introduce surviving microbes into soil or activate soil-borne microbiota? [J]. Journal of Environmental Management, 2021, 294: 113018.
- [33] 王秀红, 李欣欣, 史向远, 等. 好氧堆肥微生物代谢多样性及其细菌群落结构 [J]. 环境科学研究, 2018, 31 (8): 1457–1463.
- [34] Xia F, Wang L N, Chen J Y, et al. Variations of microbial community in *Aconitum carmichaeli* Debx. rhizosphere soil in a short-term continuous cropping system [J]. Journal of Microbiology, 2021, 59 (5): 481–490.
- [35] Du J J, Wang T, Zhou Q X, et al. Graphene oxide enters the rice roots and disturbs the endophytic bacterial communities [J]. Ecotoxicology and Environmental Safety, 2020, 192: 110304.
- [36] 郑 超, 廖宗文, 谭中文, 等. 菠萝—甘蔗轮作的土壤生态效应 [J]. 生态科学, 2003, 22 (3): 248–249, 274.