

郭瑞齐,管仁伟,王 萌,等. 土壤改良措施对参田土壤微生物群落结构的影响[J]. 江苏农业科学,2024,52(12):261-268.  
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2024.12.035

# 土壤改良措施对参田土壤微生物群落结构的影响

郭瑞齐<sup>1</sup>,管仁伟<sup>1</sup>,王 萌<sup>1</sup>,张华建<sup>2</sup>,窦家聪<sup>3</sup>,刘桂霞<sup>1</sup>,林慧彬<sup>1</sup>

(1. 山东省中医药研究院,山东济南 250014; 2. 山东中医药大学第二附属医院,山东济南 250001;

3. 山东省农业技术推广中心,山东济南 250000)

**摘要:**为探究土壤改良措施对参田土壤微生物群落结构的影响,筛选老参田土壤改良最优方案,进行大田种植土壤改良试验,设置 3 个处理组,即棉隆土壤熏蒸组(A)、高锰酸钾化学消毒组(B)、微生物菌肥组(C),并以未改良土壤为空白对照组(CK)。通过高通量测序技术分析不同处理方式下土壤微生物群落结构变化,综合评价不同参田土壤改良措施。结果表明,在 12 个改良参田土壤中共检测 537 766 个细菌有效序列,701 028 个真菌有效序列;土壤细菌在门分类水平上,改良组放线菌门、绿弯菌门、厚壁菌门等的相对丰度均大于空白对照组,土壤真菌在门分类水平上,被孢霉门的相对丰度明显高于空白对照组。在微生物属分类水平上,处理组有益菌芽孢杆菌属、鞘氨醇单胞菌属、热酸菌属、青霉菌、毛壳菌属的相对丰度明显高于空白对照组,而引起植物病害的镰刀菌属、芽枝霉属在处理组中的相对丰度呈下降趋势。空白对照组土壤中鞘氨醇单胞菌属、热酸菌属的相对丰度高于处理组,在西洋参短期连作体系中,预测土壤中微生物可产生抵御病害的生防菌,维持植物正常生长。总之,在土壤改良措施中,3 种处理方法都有利于有益菌和生防菌丰度的增加,土壤修复以 C 组最好,A 组次之,B 组效果较差。

**关键词:**西洋参;高通量测序;土壤改良;连作障碍;微生物

**中图分类号:**S567.5<sup>+</sup>30.61 **文献标志码:**A **文章编号:**1002-1302(2024)12-0261-08

西洋参(*Panax quinquefolium* L.),为五加科人参属多年生草本植物,原产于北美洲,我国自 1970 年引种成功后,开始规模化种植。经过长时间的发展,我国已形成三大西洋参种植基地,主要分布在

东北、华北、西北等地区<sup>[1]</sup>。连作的集约化、现代化农业生产模式是最常见的耕作制度,人参属植物在种植过程中易产生严重的连作障碍,这极大地制约了西洋参产业的发展<sup>[2]</sup>。

目前,引起西洋参连作障碍的发生机制已基本明确。老参田土壤微生物群落失衡是导致西洋参再植过程中土传病害发生的直接原因,而土壤微生物群落的结构组成是衡量参田土壤健康情况的重要指标<sup>[3]</sup>。研究表明,在西洋参连续种植土壤中,假单胞菌(*Pseudomonas* spp.)、芽孢杆菌(*Bacillus*)显著减少,而引起植物根腐病的主要病原菌镰刀菌(*Fusarium*)呈现增加的趋势<sup>[4-6]</sup>。土壤微生物群落结构与土壤理化性质、施肥方式、土壤质地等有

收稿日期:2023-07-13

基金项目:中央转移支付项目(编号:202219);济南市农业应用技术创新计划(编号:CX202112);山东省科技型中小企业创新能力提升工程(编号:2022TSGC1059);山东省中医药科技发展计划(编号:2021Q125);中央本级重大增减支项目(编号:2060302);国家重点研发计划(编号:2017YFC1701500,2017YFC1701502,2017YFC1701504)。

作者简介:郭瑞齐(1989—),女,山东菏泽人,硕士,助理研究员,从事中药质量与资源研究。E-mail:guoruiqi14@163.com。

通信作者:林慧彬,博士,研究员,从事中药质量与资源研究。E-mail:linhuiyin68@163.com。

[39] Tian P, Razavi B, Zhang X C, et al. Microbial growth and enzyme kinetics in rhizosphere hotspots are modulated by soil organics and nutrient availability [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2019, 141:107662.

[40] 陶 禹,李东波,李兴杰,等. 菌核病不同发病率的菜田土壤中真菌多样性分析[J]. *上海农业学报*, 2022, 38(2):63-69.

[41] 于帮红,徐 慧,张传博. 一株冬虫夏草来源真菌的鉴定及抑菌活性检测[J]. *中国实验方剂学杂志*, 2016, 22(8):36-40.

[42] 李艳春,陈志鹏,林伟伟,等. 茶树连作障碍形成机制及调控措

施研究进展[J]. *生态科学*, 2019, 38(5):225-232.

[43] 曹 慧,孙 辉,杨 浩,等. 土壤酶活性及其对土壤质量的指示研究进展[J]. *应用与环境生物学报*, 2003, 9(1):105-109.

[44] 孙秀山,封海胜,万书波,等. 连作花生田主要微生物类群与土壤酶活性变化及其交互作用[J]. *作物学报*, 2001, 27(5):617-621.

[45] 柴 强,黄 鹏,黄高宝. 间作对根际土壤微生物和酶活性的影响研究[J]. *草业学报*, 2005, 14(5):105-110.

[46] 丁雪林,林萍萍,余 凡,等. 甘蔗宿根性研究进展[J]. *中国糖料*, 2020, 42(2):12-18, 2.

关<sup>[7]</sup>。本研究通过高通量测序技术分析不同改良措施对老参田土壤微生物群落结构的影响,以期筛选出最佳改良方法以及土壤中抵抗连作障碍的优势菌群,为西洋参连作障碍防治提供数据支持。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验地概况

试验在山东省威海市文登区大水泊镇大水泊村西洋参种植基地(37°10'N, 122°13'E)进行,该地处于山东半岛东部,年平均气温 13℃,年平均降水量 767.8 mm,种植方式主要以一年两作(冬小麦、夏玉米)为主。供试土壤类型为沙质壤土。试验用地为 2020 年 10 月收获后的西洋参参田。

### 1.2 材料与试验设计

供试西洋参种质由威海市文登传福参业有限公司提供。供试药剂 98% 棉隆微粒剂(土壤熏蒸剂)、高锰酸钾(化学消毒)、微生物菌肥(有效活菌数 $\geq 2.0$  亿个/mL EM 浓缩菌)均购自济南兆龙科技发展有限公司。选取当年收获西洋参的土壤作为试验用地,在种植西洋参之前对土壤进行处理。试验共设计 4 组,即棉隆土壤熏蒸组(A 组)、高锰酸钾化学消毒组(B 组)、微生物菌肥组(C 组)、采参后未作处理的土壤为空白对照组(CK)。A 组药剂施用量为 30 g/m<sup>2</sup>,熏蒸剂施用完成后立即覆盖塑料薄膜,密闭熏蒸 30 d 后,揭膜晾晒 30 d。B 组使用喷雾器将 0.1% 高锰酸钾均匀喷于土壤表面,然后立即用塑料薄膜覆盖密封,曝晒 7 d。C 组施用菌肥用量为 6 mL/m<sup>2</sup>,一次性施入西洋参种植垄内。每个处理 3 次重复,共 12 个小区,小区面积 50 m<sup>2</sup>,每个小区间隔 1 m 缓冲区。除处理方式不同外,田间管理参照西洋参山东地区种植时间结合西洋参生长习性进行统一管理。

### 1.3 土壤样品采集

土壤样品于 2021 年 10 月,按照随机、同质、多点混合的原则,用不锈钢采样器从耕作层(0~20 cm)采集,过 2 mm 网格后,去除土壤中石头等杂质。每个处理组采集 9 份土壤样品,混匀后,分别装在 3 个无菌袋中,放在液氮中,−80℃ 保存。

### 1.4 土壤微生物 PCR 扩增与高通量测序

对土壤样品基因组 DNA 进行抽提,利用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测抽提 DNA,检测 DNA 完整性后,进行 PCR 扩增(TransStart Fastpfu DNA Polymerase),每个样本 3 个重复,将同一样本的 PCR 产物混合后,利

用 2% 琼脂糖凝胶进行电泳检测,使用 AxyPrepDNA 凝胶回收试剂盒(AXYGEN 公司)切胶回收 PCR 产物,并利用 Tris-HCl 进行洗脱;将同一样本的 PCR 产物混合后用 2% 琼脂糖凝胶进行电泳检测,使用荧光定量计检测提取的 DNA 浓度,当浓度检测合格后,进入下一步基因文库的构建。

以特异性引物 338F(5'-ACTCCTACGGGAGGC AGCAG-3')和 806R(5'-GGACTACHVGGGTWTC TAAT-3')对土壤细菌 16S V3~V4 区进行 PCR 扩增;选择 PCR 扩增通用引物 ITS1F 和 ITS2R(ITS1F: 5'-CTTGGTCATTTAGAGGAAGTAA-3'; ITS2R: 5'-GCTGCGTTCTTCATCGATGC-3')对土壤真菌 ITS 区进行扩增。DNA 片段的一端与引物碱基互补,以 DNA 片段为模板进行 PCR 合成;经过变性、退火,DNA 片段的另一端随机与附近的另外一个引物互补,形成“桥(bridge)”;经过 PCR 扩增,产生 DNA 簇;DNA 扩增子线性化成为单链。加入改造过的 DNA 聚合酶和带有 4 种荧光标记的 dNTP,每次循环只合成 1 个碱基;用激光扫描反应板表面,读取每条模板序列第 1 轮反应所聚合上去的核苷酸种类;将“荧光基团”和“终止基团”进行化学切割,恢复 3'端黏性,继续聚合第 2 个核苷酸;统计每轮收集到的荧光信号结果,获知模板 DNA 片段的序列。构建 MiSeq 文库将其用于 Illumina MiSeq PE300 平台进行高通量测序。

### 1.5 数据分析

通过高通量测序得到的双端序列经拼接与质控抽平得到优化序列,采用 Usearch (<http://www.drive5.com/usearch/>)对优化序列进行 OTU 统计,对 97% 相似水平的用 uparse(<http://www.drive5.com/uparse/>)与 RDP Classifier (<https://sourceforge.net/projects/>)进行 OTU 聚类、序列分类注释;采用 Mothur(<https://www.mothur.org/wiki/Down>)进行  $\alpha$  多样性分析<sup>[8]</sup>;采用 Qiime 计算  $\beta$  多样性距离矩阵,然后用 R 语言(version 3.3.1)绘制可视化树状图。运用 R 语言配合 vegan 包进行数据多样性分析;用 PICRUST 软件进行土壤细菌功能预测<sup>[9]</sup>。

## 2 结果与分析

### 2.1 参田土壤细菌的组成及多样性分析

运用 16S RNA、ITS 对改良土壤中的细菌、真菌进行测序,从 12 个土壤样品中共获得 537 766 个有效序列,平均长度为 414 bp。在 97% 的高通量序列

相似性水平上进行聚类,共检测到 2 759 个 OTU,其中 C 组的 OTU 数量高于其他 3 组(图 1 - I)。通过绘制土壤细菌稀释曲线<sup>[10]</sup>发现,每个样品的 OTU 稀释曲线随着读取样本量的增加趋近平缓,测序数据逐渐达到饱和(图 1 - II)。目前的测序量能够覆盖样本中的绝大多数物种,测序数据可用于后续土壤细菌多样性分析。由表 1 可知,3 个处理组参田 Shannon 指数与 CK 相比数值均降低, C 组的 Simpson 指数高于其他 3 组。与其他处理相比,CK 组的 Chao1 指数和 ACE 指数较高,但 B 组处理土壤

Chao 指数和 ACE 指数较低。  
基于 Bray - Curtis 距离进行分层聚类分析<sup>[11]</sup>,结果(图 1 - III)显示,样品可划分为 4 个高度聚集群,说明不同改良处理土壤样品中的细菌群落比较相似。此外, A 组、B 组、CK 组的细菌群落基本聚集,而 C 组的土壤样品与其他组分离。基于 OTU 丰度的非度量多维尺度分析 (NMDS)<sup>[12]</sup> (stress = 0.112)结果(图 1 - IV)表明, A 组、B 组、CK 组样品高度相似并聚集,与 C 组的样品明显分离,与层次聚类分析的结果相似。

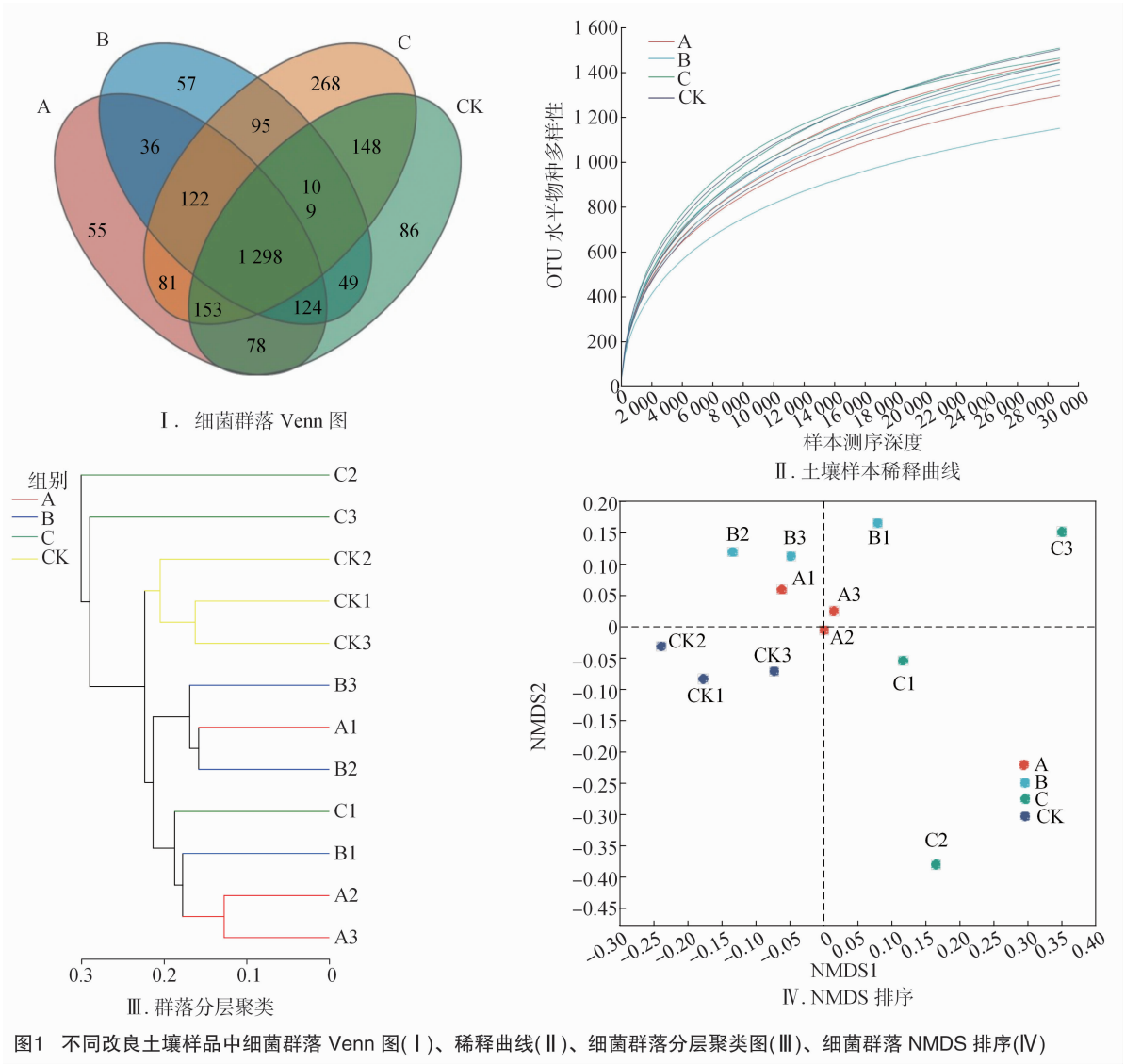
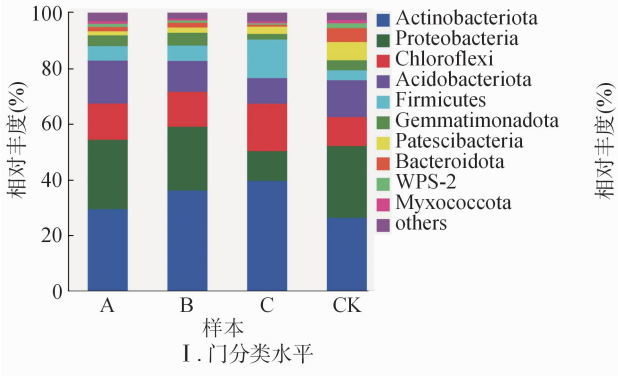


图1 不同改良土壤样品中细菌群落 Venn 图(I)、稀释曲线(II)、细菌群落分层聚类图(III)、细菌群落 NMDS 排序(IV)

表 1 不同处理方式参田土壤细菌群落的 α 多样性指数

处理组	Shannon 指数	Simpson 指数	ACE 指数	Chao1 指数
A	5.59	0.001	1 732.0	1 728.0
B	5.49	0.011	1 688.9	1 696.4
C	5.48	0.021	1 763.8	1 730.9
CK	5.67	0.009	1 823.5	1 811.2

在 97% 的相似度水平上对测序土壤样品 OTU 代表序列进行分类学分析,参田土壤在细菌序列中共分出 34 门、104 纲、230 目、365 科、643 属、1 189 种。在门水平上,将相对丰度小于 1% 的土壤细菌归于其他 (others),共得到 34 个类群,在相对丰度排名前 10 的物种中,各组群落结构的丰富度差异明显 (图 2 - I),其中放线菌门 (Actinobacteriota, 26.23% ~ 39.06%) 为 4 组土壤中的优势菌门,其他优势菌门依次为变形菌门 (Proteobacteria, 10.62% ~ 2.83%)、绿弯菌门 (Chloroflexi, 10.45% ~ 17.08%)、酸杆菌门 (Acidobacteriota, 9.17% ~ 15.48%)、厚壁菌门 (Firmicutes, 3.53% ~ 13.92%)、芽单胞菌门 (Gemmatimonadota, 1.99% ~ 4.56%)、Patescibacteria (1.48% ~ 6.55%)、拟杆菌门 (Bacteroidota, 0.66% ~ 4.98%)、WPS - 2 (0.56% ~ 1.79%)、黏球菌门 (Myxococcota, 0.62% ~ 1.09%), 占各组序列的 90% 以上。其中 3 个土壤改良组的放线菌门、绿弯菌门、厚壁菌门的相对丰度均大于空白对照组,而变形菌门、Patescibacteria、拟杆菌门、WPS - 2、黏球菌门的相对丰度在空白对照组土壤中高于其他 3 个处理组。



在属水平上,共检测到 21 个细菌属 (图 2 - II),平均相对丰度高于 2%。由表 2 可知,CK 组中 norank\_f\_\_JG30 - KF - AS9 (3.96%)、Rhodanobacter (5.36%)、Candidatus\_Solibacter (2.38%)、norank\_f\_\_norank\_o\_\_Saccharimonadales (2.37%)、norank\_f\_\_LWQ8 (2.63%)、黏液杆菌属 (Mucilaginibacter, 2.69%) 等 6 个属的相对丰度高于 A、B、C 组。A 组中 unclassified\_o\_\_Acidobacteriales (3.54%)、苔藓杆菌属 (Bryobacter, 2.23%)、Chujaibacter (3.32%)、orank\_f\_\_norank\_o\_\_Subgroup\_2 (2.05%) 等 4 个属的相对丰度较高。B 组中 norank\_f\_\_norank\_o\_\_Gaiellales (11.24%)、热酸菌属 (Acidothermus, 4.83%)、norank\_f\_\_Gemmatimonadacea (3.62%)、norank\_f\_\_SC - I - 84 (2.22%)、norank\_f\_\_norank\_o\_\_Elsterales (2.17%)、链霉菌属 (Streptomyces, 2.01%) 等 6 个属的相对丰度较高。C 组中节杆菌属 (Arthrobacter, 11.80%)、芽孢杆菌属 (Bacillus, 4.22%)、norank\_f\_\_norank\_o\_\_norank\_c\_\_KD4 - 96 (2.73%)、鞘氨醇单胞菌 (Sphingomonas, 2.16%)、八叠球菌属 (Sporosarcina, 2.88%) 等 5 个属的相对丰度较高。

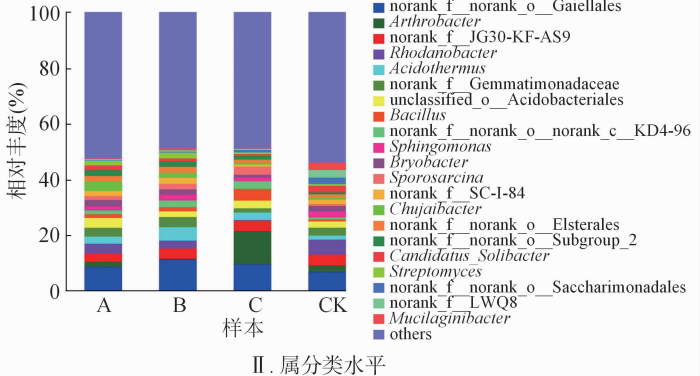


图2 不同处理方式西洋参参田土壤细菌在门、属分类水平的群落结构

2.2 改良参田土壤真菌的组成及多样性分析

12 个土壤样品经过质量过滤后,共获得 701 028 个真菌有效序列。真菌序列的平均长度为 232 bp,在 97% 的高通量序列相似性水平上进行聚类,共获得 1 448 个 OTU,由图 3 - I 可知,4 组土壤真菌共享 322 个 OTU,其中 A 组与空白对照组土壤真菌共享 87 个 OTU,B 组与空白对照组土壤真菌共享 73 个 OTU,C 组与空白对照组土壤真菌共享 30 个 OTU。A 组土壤真菌独有 142 个 OTU,B 组土壤真菌独有 299 个 OTU,C 组土壤真菌独有 91 个 OTU,CK 组土壤真菌独有 93 个 OTU。基于 OTU 的

所有样品稀释曲线均达到其渐近线 (图 3 - II),表明本研究中产生的数据足以分析真菌多样性。

$\alpha$  多样性分析结果 (表 3) 表明,与空白对照组相比,3 个处理组参田土壤的 Shannon 指数相对较高。此外,空白对照组土壤的 Simpson 指数高于其他土壤,而 A 组、C 组土壤中的 ACE 指数和 Chao1 指数低于 CK 组。分层聚类分析结果 (图 3 - III) 表明,A 组、C 组、CK 组土壤样品中的真菌群落更为相似且较为聚集,与 B 组中的真菌群落明显分离。此外,在不同改良方法中,B 组的参田土壤真菌群落成簇,与空白对照组土壤分离明显,但 B1、C3、CK2 处

表 2 不同处理组土壤细菌属水平优势种群相对丰度 (others <0.02)

中文名	属名	相对丰度 (%)			
		A 组	B 组	C 组	CK 组
节杆菌属	norank_f__norank_o__Gaiellales	8.69	11.24	9.62	6.81
	<i>Arthrobacter</i>	1.70	0.27	11.80	2.32
	norank_f__JG30 - KF - AS9	3.07	3.77	3.79	3.96
热酸菌属	<i>Rhodanobacter</i>	3.53	2.81	0.22	5.36
	<i>Acidothermus</i>	2.54	4.83	2.74	1.46
	norank_f__Gemmatimonadacea	3.15	3.62	1.48	2.82
芽孢杆菌属	unclassified_o__Acidobacteriales	3.54	2.04	2.77	2.20
	<i>Bacillus</i>	1.35	1.54	4.22	0.81
	norank_f__norank_o__norank_c__KD4 - 96	1.37	2.37	2.73	0.68
鞘氨醇单胞菌	<i>Sphingomonas</i>	1.46	2.13	2.16	1.27
苔藓杆菌属	<i>Bryobacter</i>	2.23	1.86	1.00	1.92
八叠球菌属	<i>Sporosarcina</i>	1.47	1.95	2.88	0.69
	norank_f__SC - I - 84	1.85	2.22	0.80	1.60
	<i>Chujaibacter</i>	3.32	1.68	0.59	0.87
链霉菌属	norank_f__norank_o__Elsterales	2.00	2.17	1.20	1.02
	norank_f__norank_o__Subgroup_2	2.05	1.97	1.28	0.72
	<i>Candidatus_Solibacter</i>	1.76	1.10	0.70	2.38
	<i>Streptomyces</i>	1.57	2.01	0.54	0.56
	norank_f__norank_o__Saccharimonadales	0.26	0.39	0.89	2.37
黏液杆菌属	norank_f__LWQ8	0.39	0.47	0.37	2.63
	<i>Mucilaginibacter</i>	0.29	0.69	0.14	2.69

理组土壤由于重现性差除外。基于 OTU 丰度进行 NMDS( stress = 0.081 ),结果(图 3 - IV)表明,所有样品分为 4 类。A 组、C 组、CK 组的土壤样品高度相似并聚集,与 B 组土壤样品分离。这一结果与层次聚类分析结果相似。

老参田土壤真菌在门水平上,将相对丰度小于 1% 的土壤真菌归于 others,检测到的参田土壤真菌涵盖 6 个类群、14 门、44 纲、97 目、205 科、369 属、577 种。在所有样品中,子囊菌门(Ascomycota, 48.50% ~ 58.49%)的相对丰度最高(图 4 - I),其次是担子菌门(Basidiomycota, 25.16% ~ 38.19%)、被孢霉门(Mortierellomycota, 7.04% ~ 17.9%)、unclassified\_k\_\_Fungi (1.48% ~ 5.26%)、罗兹菌门(Rozellomycota, 0.23% ~ 1.87%)、壶菌门(Chytridiomycota, 0.43% ~ 1.05%)。A 组子囊菌门的相对丰度高于其他 3 组,而 unclassified\_k\_\_Fungi、罗兹菌门的相对丰度明显低于其他 3 组。CK 组担子菌门的相对丰度高于其他各组。

在属水平上,共检测到 25 个真菌属(图 4 - II、表 4)。不同改良方法处理下土壤中优势真菌群落

的相对丰度不同,空白对照组土壤中有 7 个属 [ *Saitozyma*、*Hannaella*、*Neonectria*、芽枝霉属(*Cladosporium*)、附球霉属(*Epicoccum*)、*Tausonia*、毛喙壳属(*Chaetomidium*) ] 的相对丰度高于其他 3 个处理组。A 组中 *Solicoccozyma*、篮状菌属(*Talaromyces*)、*Naganishia*、镰刀菌属(*Fusarium*)、unclassified\_o\_\_Helotiales、unclassified\_c\_\_Sordariomycetes、*Paraphaeosphaeria*、*Holtermanniella*、毛壳菌属(*Chaetomium*)、杯梗孢属(*Cyphellophora*) 的相对丰度均高于 B 组、C 组、CK 组。此外,被孢霉属(*Mortierella*)、unclassified\_k\_\_Fungi、树粉孢属(*Oidiodendron*)、瓶毛壳属(*Lophotrichus*)、unclassified\_o\_\_Trechisporales 的相对丰度在 B 组中最高。青霉菌(*Penicillium*)、枝顶孢属(*Acremonium*)、帚枝霉属(*Sarocladium*) 的相对丰度在 C 组中最高。

3 讨论

土壤是微生物的生存环境,土壤微生物参与调节大部分的土壤活动,尤其在土壤养分的转化和循

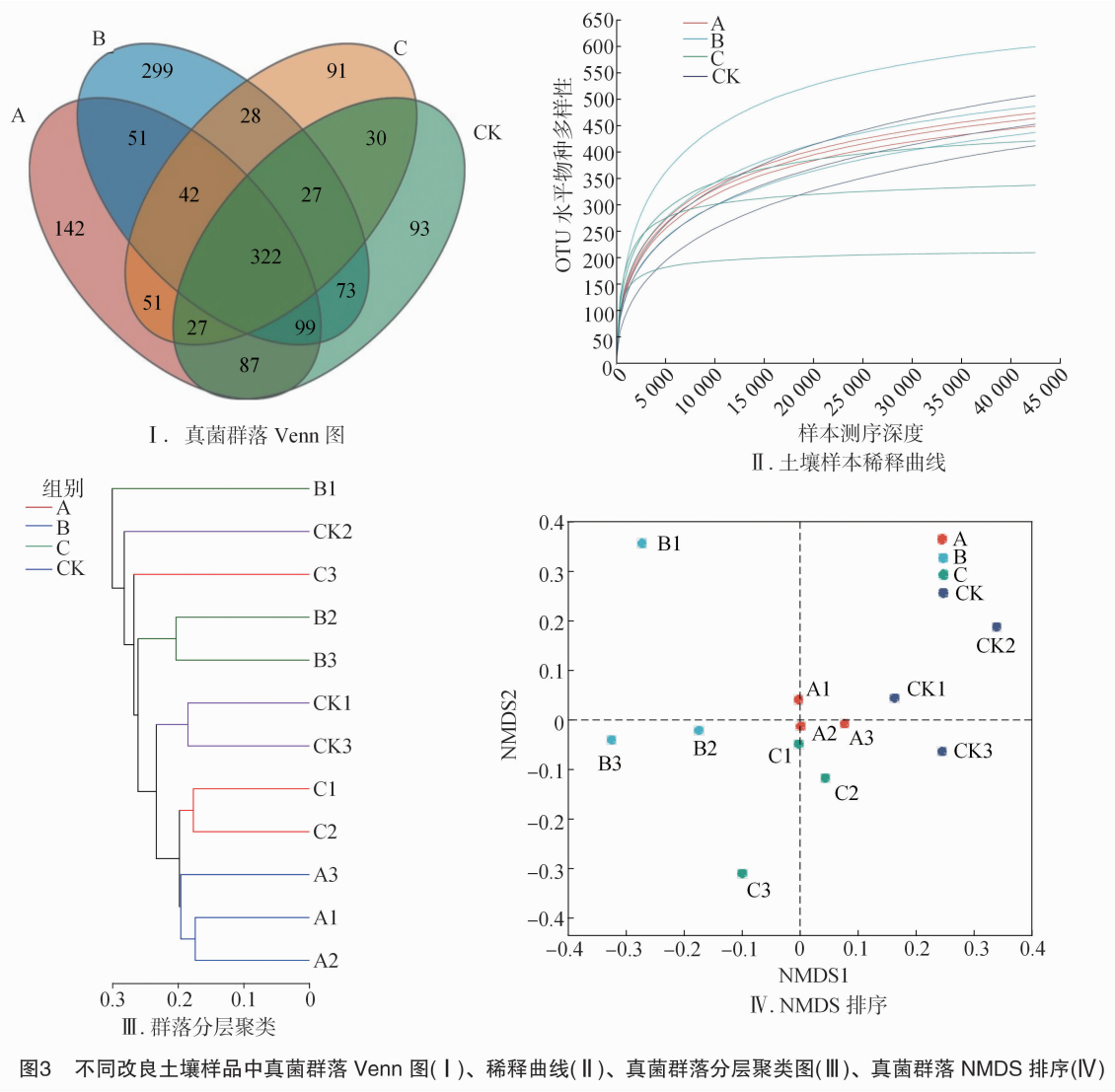


图3 不同改良土壤样品中真菌群落 Venn 图(I)、稀释曲线(II)、真菌群落分层聚类图(III)、真菌群落 NMDS 排序(IV)

表 3 不同处理方式参田土壤真菌群落的  $\alpha$  多样性指数

处理组	Shannon 指数	Simpson 指数	ACE 指数	Chao1 指数
A	4.14	0.03	531.00	538.34
B	4.02	0.05	572.44	569.25
C	4.39	0.03	334.69	337.25
CK	3.61	0.09	574.19	561.30

环中发挥着重要作用<sup>[13-14]</sup>。在西洋参连作系统中,根系不断向土壤中分泌相同类型的分泌物,可能会促进某些微生物物种在土壤中定殖,最终引起土壤微生物多样性降低<sup>[15]</sup>。从土壤  $\alpha$  多样性分析结果可以看出,土壤改良可以增加参田土壤中细菌和真菌的相对丰度和多样性。 $\beta$  多样性分析(NMDS)结果再次验证了不同土壤改良措施对参田土壤微生物菌群结构的影响。A 组、B 组、C 组土壤中的细菌和真菌群落存在明显差异,其中 A 组与 CK 组的土

壤细菌、真菌群落结构相似度较高,说明土壤熏蒸在短时间内对土壤微生物有一定的灭活作用,随着植物生长时间的延长,其作用随着主要物质的分解而逐渐失效。

土壤改良可显著改善参田土壤细菌和真菌群落结构。在细菌主要的 21 个属中,C 组芽孢杆菌属的相对丰度显著高于 A 组、B 组和 CK 组,而芽孢杆菌是促进植物生长的细菌<sup>[4]</sup>,它不仅对番茄病原菌尖孢镰刀菌和番茄早疫病病菌具有抑制作用,还可



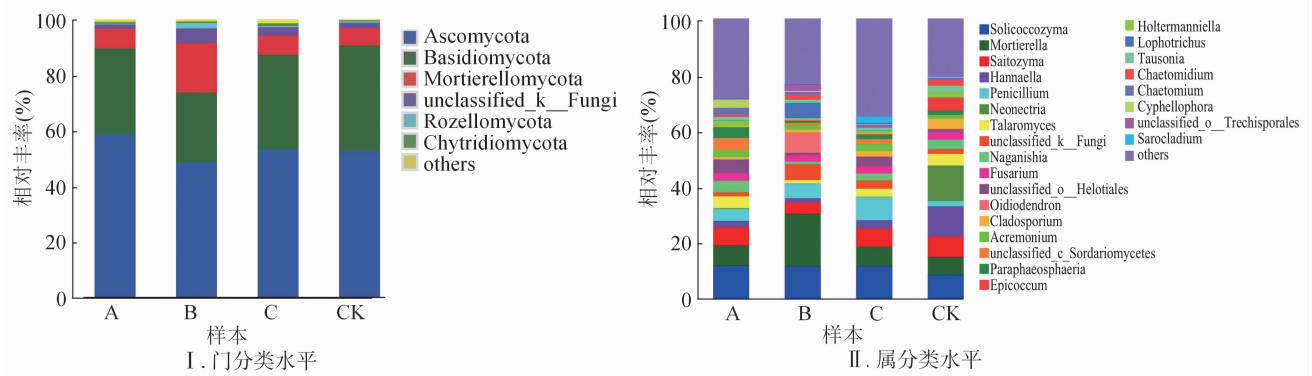


图4 不同处理方式西洋参参田土壤真菌在门、属分类水平的群落结构

表 4 不同处理组土壤真菌属水平优势种群丰度 (others <0.02)

中文名	属名	相对丰度(%)			
		A 组	B 组	C 组	CK 组
被孢霉属	<i>Solicocozyma</i>	12.21	11.92	12.00	8.95
	<i>Mortierella</i>	7.14	18.66	6.63	6.35
	<i>Saitozyma</i>	6.38	4.03	6.47	7.27
	<i>Hannaella</i>	2.37	1.53	2.97	10.73
青霉菌属	<i>Penicillium</i>	4.22	5.13	8.14	1.88
	<i>Neonectria</i>	0.28	0.09	0.19	12.60
	<i>Talaromyces</i>	4.22	1.24	2.82	4.12
篮状菌属	unclassified_k_Fungi	1.46	5.66	2.97	1.85
	<i>Naganishia</i>	4.09	0.88	2.5	3.25
	<i>Fusarium</i>	2.68	2.30	2.53	2.67
镰刀菌属	unclassified_o_Helotiales	4.76	0.87	3.32	0.98
	<i>Oidiodendron</i>	0.24	7.23	0.26	0.21
	<i>Cladosporium</i>	0.77	1.03	1.82	3.62
芽枝霉属	<i>Acremonium</i>	2.30	1.59	2.50	0.98
	unclassified_c_Sordariomycetes	4.46	0.76	1.72	0.31
	<i>Paraphaeosphaeria</i>	3.61	0.58	1.30	1.50
附球霉属	<i>Epicoccum</i>	0.22	0.32	0.43	4.76
	<i>Holtermanniella</i>	2.35	0.69	1.24	1.69
	<i>Lophotrichus</i>	0.20	5.56	0.23	0.09
瓶毛壳属	<i>Tausonia</i>	1.08	1.04	0.85	2.25
	<i>Chaetomidium</i>	0.80	1.84	0.32	2.11
	<i>Chaetomium</i>	2.46	1.04	0.82	0.83
杯梗孢属	<i>Cyphellophora</i>	2.92	0.32	0.15	0.14
	unclassified_o_Trechisporales	0.27	2.36	0.36	0
	<i>Sarocladium</i>	0.09	0.20	2.25	0.24

产生吡啶-3-乙酸和其他促生长因子,促进离体植物生长<sup>[4]</sup>。B组、C组中的鞘氨醇单胞菌属、热酸菌属的相对丰度明显高于A组、CK组,其中鞘氨醇单胞菌属细菌作为土壤中的生防菌,有助于抑制病原体入侵,而热酸菌属细菌可促进土壤中的微生物分解有机质、利用碳源<sup>[2]</sup>。对于真菌,所有处理中的

优势属为青霉菌属、*Tausonia*、毛壳菌属、镰刀菌属、芽枝霉属等,其中青霉菌属、*Tausonia*、毛壳菌是具有生物防治效果的有益真菌<sup>[11]</sup>,镰刀菌属、芽枝霉属真菌是引起植物病害的主要植物病原菌<sup>[6]</sup>。镰刀菌是被广泛报道的主要土传病害的病原菌,可引起西洋参褐色根腐病和枯萎病。由此可以看出,在土

壤改良中,3 种处理方法都有利于有益菌和生防菌相对丰度的增加,但各处理效果有所差异,其中 C 组最好,A 组次之,B 组效果较差,主要是由于 C 组用于改良土壤的微生物菌肥含有益生防菌,在西洋参再植过程中土壤中的青霉菌属等的相对丰度增加,可促进土壤微生物修复。土壤微生物的能量代谢,特别是矿质养分代谢过程,对植物的生长极为关键。同时,参与碳循环的微生物需通过高能量的代谢途径,获得生长所需的营养物质<sup>[16]</sup>。

## 4 结论

西洋参连续再植经过土壤修复对土壤微生物群落结构有一定的影响,不同处理方式与空白组之间存在明显差异。对比空白组,在不同处理后的老参田土壤中试剂组细菌和真菌的多样性指数相对较低。此外,不同处理方式短期处理连坐土壤西洋参再植后,处理组中潜在的植物病原真菌和有益细菌表现出协同增加的趋势。相反,在不进行处理的土壤中连续种植西洋参后,土壤中的有益细菌和真菌数量有所减少,推测这 2 类微生物之间可能存在相互制约的关系。结合棉隆、高锰酸钾化学属性推测,大田试验中棉隆土壤熏蒸、高锰酸钾土壤消毒处理可能在土壤处理初期抑制或杀灭部分有害菌或有益菌,但随着时间的延长试剂挥发或者分解,其抑菌效果逐渐减弱。微生物菌肥可补充土壤有益菌群,微生物菌肥可改善重茬土壤菌群结构及多样性,结合检测菌群丰度与空白组对比可推测随着种植时间的延长需要持续补充菌群以维持再植西洋参正常生长。基于上述结果,推测再植后植物的生长可能取决于致病微生物和有益微生物之间的竞争。然而,致病菌和有益菌是否以及如何相互作用还需要进一步进行研究。

## 参考文献:

- [1] Chen J, Zhou L T, Din I U, et al. Antagonistic activity of *Trichoderma* spp. against *Fusarium oxysporum* in rhizosphere of *Radix pseudostellariae* triggers the expression of host defense genes and improves its growth under long-term monoculture system [J].

- Frontiers in Microbiology, 2021, 12: 579920.
- [2] 孙子欣, 蔡柏岩. 连作对土壤微生物菌群影响及修复研究进展[J]. 作物杂志, 2022(6): 7-13.
- [3] Wu H M, Fang C X, Malacrino A, et al. Editorial: rhizosphere conversation among the plant-plant microbiome-soil under consecutive monoculture regimes [J]. Frontiers in Microbiology, 2022, 13: 1061427.
- [4] 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.
- [5] Xu X J, Luo Q Y, Wei Q C, et al. The deterioration of agronomical traits of the continuous cropping of *Stevia* is associated with the dynamics of soil bacterial community [J]. Frontiers in Microbiology, 2022, 13: 917000.
- [6] 刘丽娟, 佟爱珍, 秦佳梅. 天然阔叶林下不同年生人参根际微生物群落多样性[J]. 吉林农业大学学报, 2024, 46(2): 246-254.
- [7] 游浩宇, 陈大刚, 徐开未, 等. 不同改良措施对猕猴桃园土壤理化性质变化的影响[J]. 四川农业大学学报, 2022, 40(6): 826-837.
- [8] 杨艾华. 西洋参栽培过程中土壤微生物群落、养分和酶活性的变化及其相互关系[D]. 西安: 陕西师范大学, 2017.
- [9] 刘亮亮. 强还原土壤消毒防控土传病害效果及其微生物学机制研究[D]. 南京: 南京师范大学, 2019.
- [10] 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.
- [11] 聂扬眉, 步连燕, 陈文峰, 等. 高量秸秆还田配施芽孢杆菌对沙化土壤细菌群落及肥力的影响[J]. 环境科学, 2023, 44(9): 5176-5185.
- [12] 付宽宽, 王小兵, 汪晓丽, 等. 不同改良措施对设施芹菜根际土壤微生物群落结构的影响[J]. 中国瓜菜, 2022, 35(8): 42-49.
- [13] 朱怡, 吴永波, 安玉亭. 基于高通量测序的禁牧对土壤微生物群落结构的影响[J]. 生态学报, 2022, 42(17): 7137-7146.
- [14] 李荣飞, 杨仕品, 王爱华, 等. 不同调控措施对草莓连作大棚土壤微生物群落的影响[J]. 江苏农业科学, 2023, 51(3): 197-204.
- [15] 闫宁, 战宇, 谢昊臻, 等. 不同改土方式对连作人参生长发育的影响[J]. 江苏农业科学, 2022, 50(6): 120-125.
- [16] 孙鹏洲, 罗珠珠, 李玲玲, 等. 黄土高原紫花苜蓿种植对土壤反硝化细菌群落的影响[J]. 中国生态农业学报(中英文), 2023, 31(1): 67-78.