

高正锋, 宝童曦, 徐 丝, 等. 烟草黑胫病对不同种植烟土壤化学性状及细菌群落的影响[J]. 江苏农业科学, 2024, 52(15): 255-261.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2024.15.033

烟草黑胫病对不同种植烟土壤化学性状 及细菌群落的影响

高正锋, 宝童曦, 徐 丝, 李先伟, 杨绍磊, 虞 健, 姚俊杰, 毛璞麟, 叶 鹏, 杨智斌, 吕 芬
(云南农业大学烟草学院, 云南昆明 650201)

摘要:为探究不同土壤类型对烟草黑胫病发生的响应差异,明确与黑胫病发病程度相关的因素,通过田间调查,收集黄壤土、水稻土烟草黑胫病不发病、中度发病和重度发病烟株根际土壤,测定土壤化学指标,并采用高通量测序技术分析不同发病程度下烟株根际土壤细菌群落结构。结果表明,黄壤土中随黑胫病发病程度增加 SOM 和 $\text{NO}_3^- - \text{N}$ 含量逐渐增加,AP 含量中度发病最高。而在水稻土中,土壤 $\text{NO}_3^- - \text{N}$ 和 AP 含量升高,SOM 和 AN 含量呈先减后增的变化趋势。黄壤土中 Chao1、ACE 指数随发病程度增加呈增加趋势且显著高于不发病和中度发病土壤,水稻土中细菌 Shannon 和 Simpson 指数随发病程度增加呈下降趋势。芽孢杆菌属、鞘氨醇单胞菌属、芽单胞菌属和苔藓杆菌属在中度发病土壤中富集。2 种土壤类型下有机质含量和硝态氮含量对土壤细菌群落变化的贡献率较大,是影响土壤细菌群落结构发生变化的重要非生物因素。综上所述,不同土壤类型细菌群落 α 多样性变化不一致,芽孢杆菌属、鞘氨醇单胞菌属、芽单胞菌属、苔藓杆菌属相对丰度随病害加重而增加;有机质和硝态氮含量是影响黑胫病发生和细菌群落结构改变的重要非生物因素。

关键词:烟草;黑胫病;发病程度;细菌群落结构;化学性状

中图分类号:S435.72 **文献标志码:**A **文章编号:**1002-1302(2024)15-0255-07

烟草是我国重要的经济作物,近年来由于集约化程度的提高,农业生产复种指数增加,造成植烟

土壤养分失衡、土传病害频发^[1],严重制约着我国烟草产量及品质的提升^[2-3]。烟草黑胫病的病原菌在土壤中有较强的生命力,在没有寄主植物存在的情况下也能存活数年,且较难清除,因而成为对烟草危害较为严重的土传病害之一^[4]。目前,对于烟草黑胫病的防治主要有培育抗性品种、农业防治、化学防治等,但抗性品种受到烟草工业原料需求和地域差异的影响,推广难度大,只依靠农业防

收稿日期:2023-09-06

基金项目:贵州省烟草公司重点研发项目(编号:2021XMI5)。

作者简介:高正锋(1997—),男,云南祥云人,硕士研究生,研究方向为烟草病害。E-mail:766799325@qq.com。

通信作者:吕 芬,硕士,副教授,主要从事烟草栽培及病害方面的研究。E-mail:lvfen18@163.com。

[22]李毓儿. 摩西斗管囊霉对三种禾草体内重金属含量的影响[D]. 石河子:石河子大学,2020.

[23]崔 利,郭 峰,唐朝辉,等. 摩西斗管囊霉对连作花生叶片荧光参数及生理指标的影响[J]. 中国油料作物学报,2020,42(5):851-859.

[24]崔 利,郭 峰,张佳蕾,等. 摩西斗管囊霉改善连作花生根际土壤的微环境[J]. 植物生态学报,2019,43(8):718-728.

[25]孙 歌,接伟光,胡 威,等. 根内根胞囊霉对成熟期大豆生物量及多菌灵残留量的影响[J]. 农药,2021,60(10):759-764.

[26]孙向伟,王晓娟,陈 牧,等. 生态环境因子对 AM 真菌孢子形成与分布的作用机制[J]. 草业学报,2011,20(1):214-221.

[27]许 超,夏北成,冯 涓. 酸性矿山废水污染对稻田土壤酶活性影响研究[J]. 农业环境科学学报,2008,27(5):1803-1808.

[28]王 慧,孙泰森. 不同水分条件下先锋植物博落回对氮磷胁迫的生物学响应[J]. 植物营养与肥料学报,2015,21(5):1320-1327.

[29]牟红霞,刘秉儒,李子豪,等. 矿井水对荒漠草原土壤微生物群落结构及多样性的影响[J]. 干旱区研究,2022,39(5):1618-1630.

[30]梁燕菲,张潇潇,李伏生. “薄浅湿晒”灌溉稻田土壤微生物量碳、氮和酶活性研究[J]. 植物营养与肥料学报,2013,19(6):1403-1410.

[31]段旭林,邢亚娟. 森林演替中球囊霉素功能的研究进展[J]. 世界生态学,2021,10(3):423-429.

[32]杨金芳,李春喜,马守臣,等. 矿井水灌溉对土壤特性和小麦生长及产量的影响[J]. 湖北农业科学,2012,51(22):5016-5019.

[33]胡君利,林先贵,王俊华,等. 大气对流层臭氧浓度升高下 AM 真菌对小麦生长的影响[J]. 环境科学,2009,30(11):3393-3398.

[34]贾艳艳,杨文飞,杜小凤,等. 接种 AM 真菌和施氮对还田稻秆氮素释放和小麦产量的影响[J]. 江西农业学报,2020,32(3):8-13.

治措施的效果也十分有限,长期使用化学药剂防治极易影响土壤微生物生态环境的稳定,导致病原菌抗性增加,因此寻找本土的关键致病因子,从当地植烟土壤本身进行改良和调控是烟草土传病害防控的重要措施之一。

土传病害的发生与土壤微生态环境的变化密不可分^[5-7]。有研究表明,烟草黑胫病的发生与土壤理化性质间有一定联系^[8],其中 pH 值对黑胫病的发生影响较为显著,当植烟土壤 pH 值为酸性时黑胫病发病率较高^[9],还有研究指出健康土壤中的有机质、碱解氮和有效磷含量低于患病土壤^[10]。微生物参与了土壤生态系统运转和植物发育获取营养物质的诸多关键过程,包括土壤质量维持和毒素降解,营养循环、有机质周转等,是植株健康成长和保证土壤持续利用的重要组成部分之一,有研究指出土壤微生物的群落组成、结构、多样性及生态网络关系都与植物土传病害的发生有关^[11-13]。史普酉等发现,黑胫病不同发病程度烟株细菌群落组成和结构发生趋向性改变,土壤微生物的多样性降低^[14]。前人通过研究土壤微生物群落结构是否会影烟草青枯病的发生得出,相对复杂的土壤微生物生态系统可能有助于抑制病原菌的入侵^[15]。感染烟

草青枯病的根际土壤微生物与未染病的根际土壤微生物相比,其健康土壤微生物多样性较低^[16]。向立刚等研究发现,健康烟株根际土壤中细菌群落的 α 多样性高于感青枯病和黑胫病烟株的根际土壤^[17]。尽管如此,以往的研究更多偏向于发病土壤与健康土壤之间的比较^[18-19],对于不同类型植烟土壤细菌群落结构变化的研究相对较少,这对于解释在不同环境中烟草黑胫病菌对植烟土壤微生物的影响关系具有重要意义。基于此,本研究在贵州安顺烟区挑选了烟草黑胫病持续发生的地块进行试验,从而比较在 2 种类型植烟土壤环境中,不同发病程度黑胫病烟株根际土壤的化学性状和细菌群落结构之间的差异,以期丰富烟株感病机制和烟草黑胫病的防治提供一定参考。

1 材料与方法

1.1 试验点概况

试验于 2022 年 3—9 月在贵州省杨武镇(106°11'9.99"E,26°01'5.61"N,海拔 1 162.54 m)和紫云县干龙坝(106°10'58"E,25°54'08"N,海拔为 1 183.8 m)进行。种植品种均为云烟 87,移栽方式为井窖式移栽。试验地基础土壤理化性状如表 1 所示。

表 1 供试土壤基础理化性状

土壤类型	pH 值	SOM 含量 (g/kg)	AN 含量 (mg/kg)	NO ₃ ⁻ - N 含量 (mg/kg)	NH ₄ ⁺ - N 含量 (mg/kg)	AP 含量 (mg/kg)	AK 含量 (mg/kg)
黄壤土	5.86	30.54	413.00	48.07	20.31	8.79	249.93
水稻土	5.20	24.28	147.00	19.18	9.74	6.01	54.08

注:SOM 为有机质,AN 为碱解氮,NO₃⁻ - N 为硝态氮,NH₄⁺ - N 为铵态氮,AP 为有效磷,AK 为速效钾,下表同。

1.2 土壤样品采集

按照 GB/T 23222—2008《烟草病虫害分级及调查方法》中烟草病虫害分级与调查的方法,对 2 种土壤类型(黄壤土记为 C,水稻土记为 F)下的烟株进行黑胫病等级划分,并基于病情指数将烟株划分为不同发病程度烟株(正常烟株:整株无病,编号为 0;中度发病:烟株茎部茎围 1/2 以上有病斑或烟株叶片中 1/2 ~ 2/3 凋萎,编号为 1;重度发病:烟株茎部茎围全部被病斑环绕,烟株叶片中 2/3 以上凋萎,编号为 2)。待烟株病级确定后将其全部挖出,去除根部所有杂物后,将距离根部 2 mm 范围内的土壤抖落并收集,发病程度相同的烟株土壤不少于 3 株,待充分混匀后一部分储存于 -80 °C 冰箱用于微生物群落测定,剩余土壤通过自然风干后用于测定理

化性状^[20]。

1.3 土壤理化性状的测定

土壤悬浮液中的 pH 值采用电位法测定。参照鲍士旦的方法^[21]测定土壤有机质、碱解氮、有效磷和速效钾含量。硝态氮含量采用紫外分光光度法测定;铵态氮含量采用可见分光光度法测定。

1.4 土壤细菌的测定

土壤细菌:用 HiPure Soil DNA Kits 提取土壤中的 DNA;利用 341F(5' - CCTACGGGNGGCWGCAG - 3')和 806R(5' - GGACTACHVGGGTATCTAAT - 3')对 16S rDNA 基因高变区 V3 ~ V4 进行 PCR 扩增,扩增产物的高通量测序在 Illumina Hiseq 平台进行,通过 NanoDrop 微量分光光度计、琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 的纯度和完整性,将纯化的 PCR 产物进行

文库构建。经过 Qubit 和 Q-PCR 验证文库合格后,使用 NovaSeq 6 000 对 DNA 文库进行测序。测序数据通过 Qiime V1.9.1 去除平均质量分数低 ($Q < 20$) 和长度短 (< 100 bp) 的低质量序列,使用 Usearch 软件进行聚类,获得 OTU 的丰度和 OTU 代表序列。基于 OTU 的序列、丰度数据,开展物种注释、物种组成分析、 α 多样性分析、 β 多样性分析、相关性分析等。

1.5 统计方法

利用 Excel 2010 和 SPSS 22.0 进行数据处理,利用 LSD 法进行显著性检验 ($\alpha = 0.05$),利用 R 语言进行图形绘制。

2 结果与分析

2.1 黑胫病对不同类型土壤化学性质的影响

黑胫病不同发病程度下土壤的化学性质存在差异(表 2)。黄壤土中随发病程度变化 pH 值、碱解氮、速效钾和铵态氮含量无显著差异,有机质和硝态氮含量逐渐增加且处理间差异显著 ($P <$

0.05),有效磷含量中度发病(C1 处理)最高,为 771.16 mg/kg。水稻土中,随发病程度变化 pH 值和铵态氮含量无显著差异,有机质含量先减少后增加,且各处理间达到显著差异。碱解氮含量重度发病(F2 处理)显著高于其他处理,整体呈先减少后增加的变化趋势。速效钾和硝态氮含量呈增加趋势,均为重度发病(F2 处理)最高,和正常烟株根际土壤(F0 处理)达到显著差异。

2.2 黑胫病对不同类型土壤细菌群落结构和多样性变化的影响

2.2.1 细菌 α 多样性变化 由图 1 可知,黄壤土的 Chao1、ACE 指数随发病程度增加呈增加趋势,且重度发病土壤显著高于不发病和中度发病土壤,而细菌群落多样性(Shannon、Simpson)指数在各发病程度间差异不显著。水稻土中随黑胫病发病程度加重丰富度(Chao1 和 ACE)指数变化不显著,多样性指数则逐渐下降,且 Shannon 指数重度发病土壤显著低于不发病土壤,Simpson 指数无显著差异。

表 2 不同类型植烟土壤化学性状

土壤类型	处理	pH 值	SOM 含量 (g/kg)	AP 含量 (mg/kg)	AN 含量 (mg/kg)	AK 含量 (mg/kg)	NO ₃ ⁻ - N 含量 (mg/kg)	NH ₄ ⁺ - N 含量 (mg/kg)
黄壤土	C0	6.32 ± 0.21a	28.71 ± 0.86c	524.54 ± 81.54b	213.97 ± 27.92a	213.34 ± 8.88a	16.03 ± 0.04b	21.61 ± 4.14a
	C1	5.85 ± 0.14a	31.73 ± 0.10b	771.16 ± 143.38a	291.67 ± 111.81a	326.88 ± 8.22a	19.59 ± 0.08b	22.85 ± 16.28a
	C2	6.14 ± 0.34a	35.24 ± 0.31a	531.17 ± 73.84b	240.10 ± 8.94a	295.76 ± 3.58a	36.46 ± 3.51a	27.65 ± 2.18a
水稻土	F0	5.25 ± 0.14a	36.11 ± 0.35b	309.08 ± 49.38b	363.07 ± 63.77b	280.28 ± 27.88c	11.98 ± 0.16c	26.68 ± 5.69a
	F1	5.11 ± 0.10a	31.78 ± 0.25c	309.38 ± 23.25b	333.90 ± 33.62b	328.03 ± 56.21ab	16.19 ± 0.67b	24.36 ± 10.10a
	F2	5.15 ± 0.08a	37.90 ± 1.31a	390.09 ± 95.92a	467.60 ± 13.98a	403.98 ± 34.72a	49.47 ± 0.27a	18.80 ± 9.26a

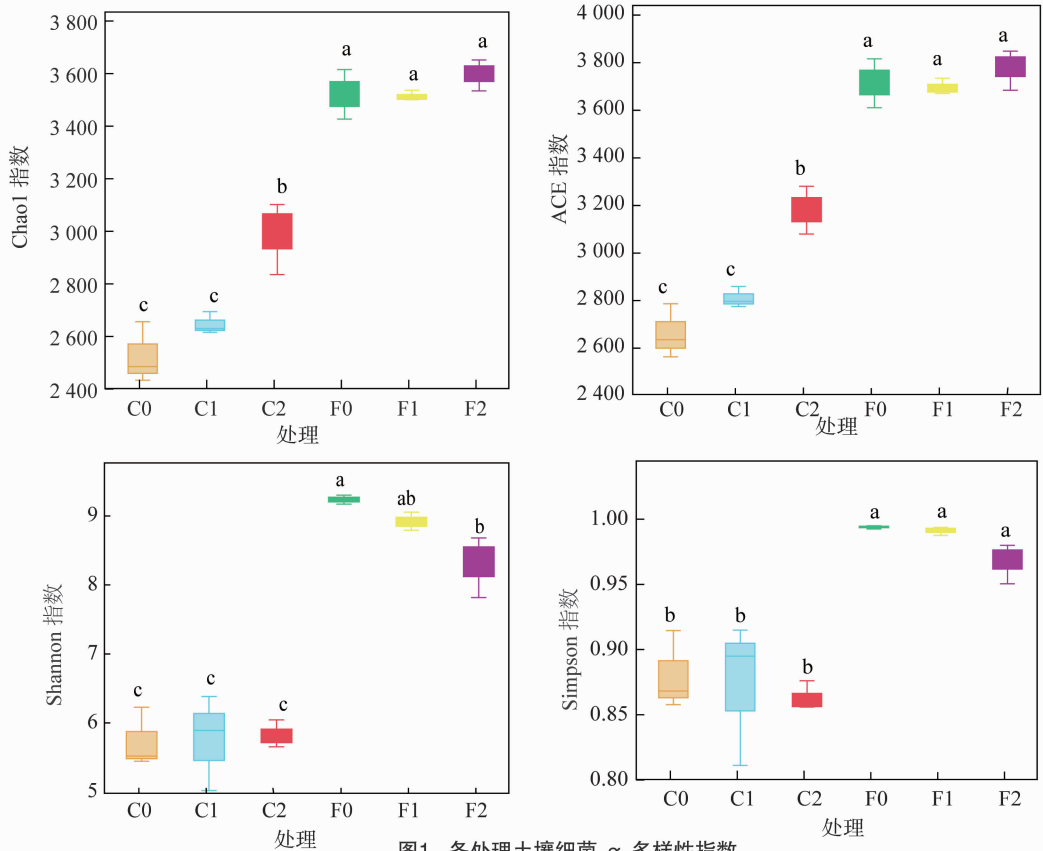
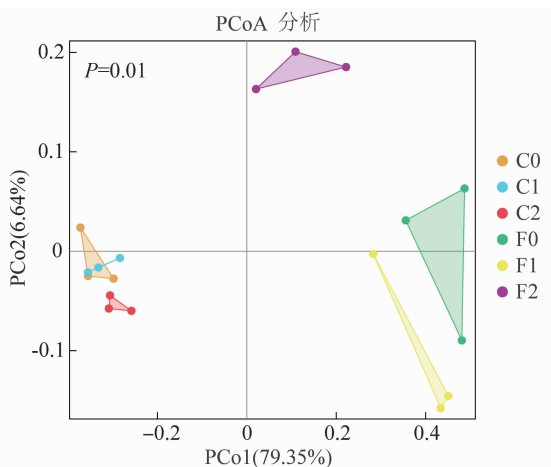
注:同列数据后不同小写字母表示同类型土壤不同处理之间在 0.05 水平上差异显著。

2.2.2 细菌 β 多样性变化 主坐标分析(PCoA,基于 Bray-curtis 距离)下的结果均有显著差异 ($P < 0.05$)。由图 2 可知,第 1 坐标轴和第 2 坐标轴共能解释 85.99%,黄壤土细菌群落主要分布在二、三象限,而水稻土细菌群落则主要分布在一、四象限。其次,随发病程度增加,黄壤土和水稻土中沿 PCo2 轴重度发病土壤细菌群落与不发病土壤和土壤细菌群落显著分开,而中度发病土壤细菌群落和不发病土壤细菌群落未显著分开。以上结果表明,黄壤土和水稻土间细菌群落结构存在差异,其次,重度发病烟株根际土壤细菌群落显著区别于不发病和中度发病烟株根际土壤细菌群落。

2.2.3 细菌门、属水平群落丰度变化 选取 2 种土壤细菌群落中丰度 TOP10 的门水平物种进行比较

分析,如图 3-A 所示,在黄壤土中,随发病程度增加,厚壁菌门(Firmicutes)相对丰度降低,变形菌门(Proteobacteria)相对丰度增加,不发病土壤中放线菌门(Actinobacteria)和髌骨细菌门(Patescibacteria)丰度高于发病土壤。在水稻土中,随发病程度增加厚壁菌门丰度逐渐升高,变形菌门、拟杆菌门(Bacteroidetes)和绿弯菌门(Chloroflexi)相对丰度逐渐降低。

对细菌属水平相对丰度 TOP10 的物种进行分析,如图 3-B 所示,黄壤土和水稻土中共有的 6 个优势菌属为芽孢杆菌属(*Bacillus*)、*Clostridium_sensu_stricto*_10(未命名,属于厚壁菌门)、鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)、*Clostridium_sensu_stricto*_12(未命名,属于厚壁菌门)、芽单胞菌属(*Gemmatimonas*)、

图1 各处理土壤细菌 α 多样性指数图2 各处理土壤细菌 β 多样性变化

Clostridium_sensu_stricto_1 (未命名, 属于厚壁菌门)。在黄壤土中, 随发病程度增加, 芽孢杆菌属、鞘氨醇单胞菌属、芽单胞菌属丰度升高。在水稻土中, 随发病程度增加, 芽孢杆菌属丰度升高, 鞘氨醇单胞菌属、苔藓杆菌属 (*Bryobacter*) 和芽单胞菌属相对丰度先增后减。

2.2.4 土壤环境因子与微生物间的冗余分析和方差分解分析 土壤化学性状指标结合细菌 OTU 数据矩阵进行冗余分析 (RDA) 和方差分解分析

(variance partitioning analysis, 简称 VPA), 结果见图 4。在黄壤土中 (图 4 - A - 1), 对细菌群落影响较大的土壤化学性状指标为有机质含量、碱解氮含量和硝态氮含量, 且方差分解分析 (图 4 - A - 2) 表明, 有机质含量和硝态氮含量对土壤细菌群落变化的贡献率较大, 分别为 1.73% 和 1.68%, 从而说明有机质和硝态氮含量可能是影响黄壤土中土壤细菌群落结构改变的重要非生物因素。在水稻土中 (图 4 - B - 1) 有机质、碱解氮、硝态氮和速效钾含量对细菌群落影响较大, VPA 结果表明有机质和硝态氮含量对土壤细菌群落发生变化的贡献率较大, 为影响水稻土中细菌群落结构改变的主要非生物因素。

3 讨论

土传病害的发生往往导致土壤养分的不平衡, 而土壤养分平衡是作物健康生长的关键^[22]。烟草黑胫病为典型的土传病害, 其发生与传播主要受土壤温度、湿度、酸碱度及土壤养分等环境因素的影响^[23-25]。本研究结果表明, 黄壤土中随黑胫病发病程度增加, SOM 和 $\text{NO}_3^- - \text{N}$ 含量逐渐增加, AK 含量

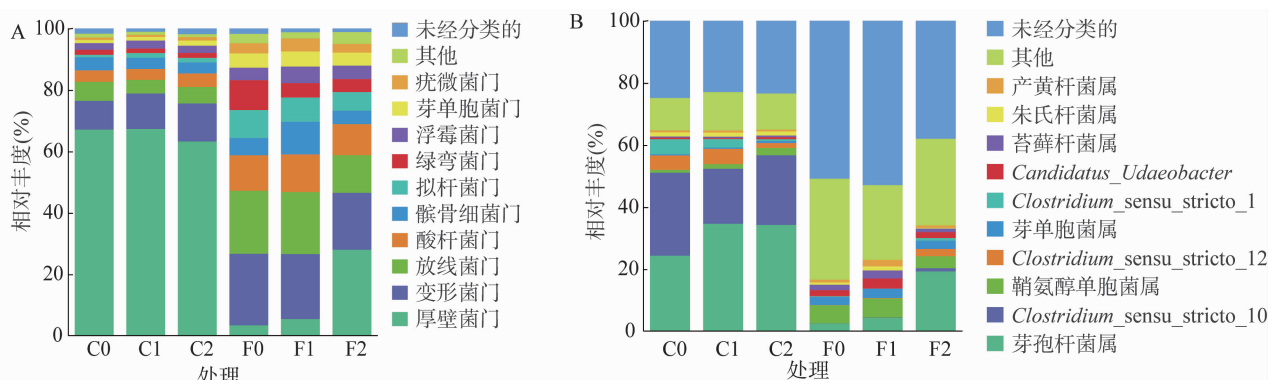


图3 各处理土壤细菌门水平(A)和属水平(B)丰度变化

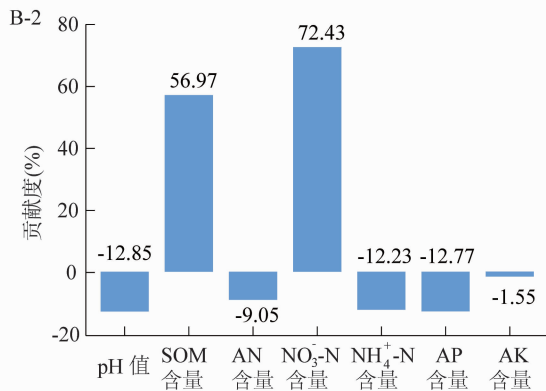
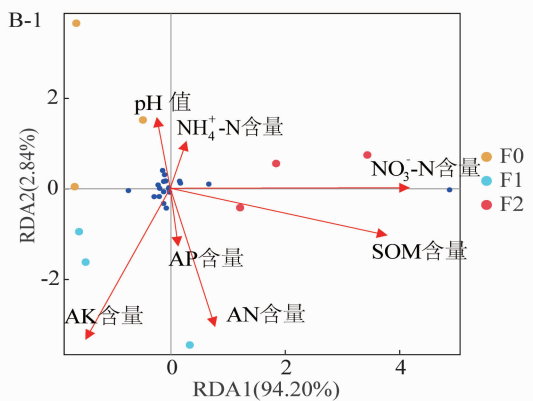
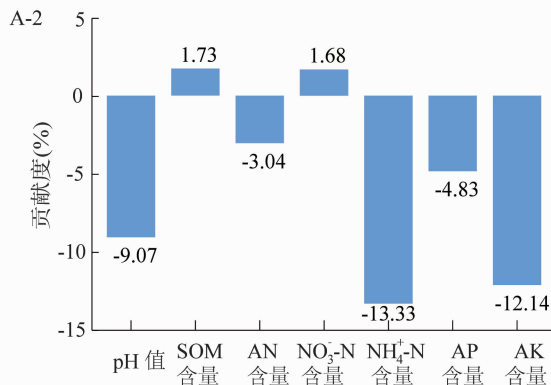
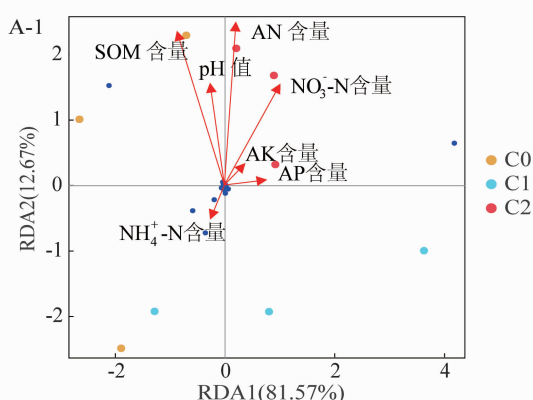


图 4A-1、4B-1 为黄壤土；图 4A-2、4B-2 为水稻土

图4 土壤化学因子与细菌群落间的冗余分析和方差分解分析

中度发病最高。而在水稻土中, AP 和 NO₃⁻-N 含量总体呈增加趋势, SOM 及 AN 含量总体呈先减后增变化, 这与方宇等的研究结果^[10]基本一致。造成土壤速效养分含量积累的可能原因是, 发病植株内部组织结构被破坏, 导致植株营养物质运输受阻, 对土壤养分吸收效率降低, 造成土壤养分累积^[26-27]。有研究表明, 有机质含量偏高可能会导致烟草青枯病更加严重^[28-29], 本研究结果与之类似。土壤中较高的硝态氮含量可以抑制土传真菌病害

的发生^[30], 同时也有研究表明, 硝态氮可以降低香蕉枯萎病和白菜斑点病的发生^[31-32], 而在本研究中, 2 种类型土壤中硝态氮含量均随发病程度的加重呈增加的趋势, 可能原因是该环境下病原菌更易获取营养物质进行生长繁殖对抗具有拮抗作用的根际微生物, 加剧了烟株的病害程度, 也可能是植株和土壤间相互作用, 通过硝态氮累积来抵御病害发生, 具体机制还需进一步试验证明。此外, 冗余分析和方差分解分析结果表明, 在 2 种土壤类型下

有机质和硝态氮含量对土壤细菌群落变化的贡献率较大,可能是土壤中影响细菌群落结构发生改变的主要因子。

越丰富的土壤微生物结构,物种的均匀度越高,其拥有的生态系统也较为稳定和平衡,有利于提高作物对病害的抵御^[33-34],而病原微生物的大量生长和繁殖打破了种群平衡机制,导致作物病害的发生。本研究结果表明,黄壤土中 Chao1、ACE 指数随发病程度增加呈增加趋势且重度发病土壤显著高于不发病和中度发病土壤。可能原因是病害发生后,烟株的正常代谢受到干扰,烟株会通过内生细菌或根系分泌物的改变来进行调节,故烟株根际土壤微生物的种类会随之发生改变^[35],也可能是增加了有害菌群数量和丰度,从而不利于抵抗病害的发生。水稻土中随发病程度增加 Shannon 和 Simpson 指数呈下降趋势,这与前人的研究结果^[36]相同。此外,PCoA 结果表明,2 种类型土壤间细菌群落存在差异,在相同土壤类型下重度发病烟株根际土壤细菌群落显著区别于不发病和中度发病烟株根际土壤细菌群落。以上结果表明,烟株发病会导致根际土壤细菌群落丰富度和多样性发生改变,且不同土壤类型细菌群落 α 多样性变化不一致,烟株发病会显著影响细菌的群落结构。2 种土壤类型的细菌群落结构组成基本相似,但相对丰度存在差异,这与前人的研究结果一致,齐虹凌等的研究表明,不同土壤类型下真菌、细菌、放线菌以及古菌等微生物的生长发育和数量会受到影响^[37-38]。本研究结果表明,在黄壤土中,随黑胫病发病程度增加厚壁菌门丰度降低,变形杆菌门丰度增加,而在水稻土中,随发病程度增加厚壁菌门丰度逐渐升高,变形杆菌门、拟杆菌门和绿弯菌门丰度逐渐降低。前人研究表明,土壤细菌的变形菌门、拟杆菌门和厚壁菌门在土壤养分充足时表现出较快的生长速度和更高的相对丰度^[39-40]。在 2 种土壤类型下有益菌属芽孢杆菌属、鞘氨醇单胞菌属、芽单胞菌属、苔藓杆菌属^[41-43]在中度发病土壤中富集,可能与烟草植株在受到病菌侵染后,为了抵抗这种侵染,在根际募集了大量能够诱导抗病和促进植物生长的微生物有关^[44-45],这与黎妍妍等对青枯病不同发病阶段根际微生物群落变化的研究结果^[41]类似。而水稻土黑胫病重度发病土壤中,鞘氨醇单胞菌属、芽单胞菌属、苔藓杆菌属相对丰度有下降趋势,可能是土壤类型及烟株濒死导致,具体原因还需进一

步试验验证。

4 结论

烟草黑胫病的发生会导致根际土壤细菌群落丰富度和多样性发生改变,且不同土壤类型的细菌群落 α 多样性变化不一致。与不发病土壤相比,芽孢杆菌属、鞘氨醇单胞菌属、芽单胞菌属、苔藓杆菌属等有益菌属相对丰度在中度发病土壤中增加。2 种土壤类型下有机质(SOM)和硝态氮($\text{NO}_3^- - \text{N}$)含量是影响黑胫病发生和土壤细菌群落结构改变的主要非生物因素。

参考文献:

- [1] 黄新琦,蔡祖聪. 土壤微生物与作物土传病害控制[J]. 中国科学院院刊,2017,32(6):593-600.
- [2] 江其朋. 烟草根际不同土层细菌种群多样性及其与青枯病发生的关系研究[D]. 重庆:西南大学,2019.
- [3] 王胜男. 西南山区烤烟连作对土壤微生物多样性的影响及机制研究[D]. 杨凌:西北农林科技大学,2021.
- [4] 王文静,王晓强,许有幸,等. 烟草黑胫病菌分子生物学研究进展[J]. 中国烟草科学,2021,42(3):90-94.
- [5] 王戈,杨焕文,赵正雄,等. 不同抗性烤烟品种根际微生物数量及多样性差异研究[J]. 植物营养与肥料学报,2012,18(2):451-458.
- [6] 谷益安. 土壤细菌群落和根系分泌物影响番茄青枯病发生的生物学机制[D]. 南京:南京农业大学,2017.
- [7] Benizri E, Piutti S, Verger S, et al. Replant diseases: bacterial community structure and diversity in peach rhizosphere as determined by metabolic and genetic fingerprinting [J]. *Soil Biology and Biochemistry*,2005,37(9):1738-1746.
- [8] 高福宏,陈静,陶琼,等. 土壤理化性状对烟草黑胫病发生的影响[J]. 湖南农业科学,2012(17):79-81.
- [9] 魏国胜,周恒,朱杰,等. 土壤 pH 值对烟草根茎部病害的影响[J]. 江苏农业科学,2011,39(1):140-143.
- [10] 方宇,白涛,刘冬梅,等. 烟草黑胫病植株根际土壤真菌群落多样性及结构分析[J]. 西南农业学报,2022,35(4):822-830.
- [11] Niu J J, Chao J, Xiao Y H, et al. Insight into the effects of different cropping systems on soil bacterial community and tobacco bacterial wilt rate[J]. *Journal of Basic Microbiology*,2017,57(1):3-11.
- [12] Latz E, Eisenhauer N, Rall B C, et al. Unravelling linkages between plant community composition and the pathogen-suppressive potential of soils[J]. *Scientific Reports*,2016,6:23584.
- [13] Niu J J, Rang Z W, Zhang C, et al. The succession pattern of soil microbial communities and its relationship with tobacco bacterial wilt[J]. *BMC Microbiology*,2016,16(1):233.
- [14] 史普西,杨成翠,贾孟,等. 不同黑胫病发病程度下植烟根际土壤酶活性及细菌群落结构差异比较[J]. 中国土壤与肥料,2020(1):179-187.

- [15] Yang H W, Li J, Xiao Y H, et al. An integrated insight into the relationship between soil microbial community and tobacco bacterial wilt disease[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2017, 8: 2179.
- [16] Wang R, Zhang H C, Sun L G, et al. Microbial community composition is related to soil biological and chemical properties and bacterial wilt outbreak[J]. *Scientific Reports*, 2017, 7(1): 343.
- [17] 向立刚, 汪汉成, 郭华, 等. 健康与感染黑胫病烟株根际土壤与茎秆细菌群落结构与多样性[J]. *中国烟草学报*, 2020, 26(1): 100–108.
- [18] 刘海洋, 姚举, 张仁福, 等. 黄萎病不同发生程度棉田中土壤微生物多样性[J]. *生态学报*, 2018, 38(5): 1619–1629.
- [19] 张笑宇, 段宏群, 芦阿虔, 等. 健康烟田与易感黑胫病烟田烟株不同生长期根际土壤微生物区系变化规律[J]. *河南农业科学*, 2018, 47(3): 63–69.
- [20] 高正峰, 白羽祥, 朱宣全, 等. 烟草根黑腐病不同发病程度与土壤养分及微生物群落的关系[J]. *南方农业学报*, 2022, 53(9): 2478–2486.
- [21] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 3版. 北京: 中国农业出版社, 2000: 29–80.
- [22] 杨珍, 戴传超, 王兴祥, 等. 作物土传真菌病害发生的根际微生物机制研究进展[J]. *土壤学报*, 2019, 56(1): 12–22.
- [23] 叶孝力. 烟草黑胫病的发生与防治[J]. *现代农业*, 2013(8): 35.
- [24] 杜杏蓉, 李运国, 邓小鹏, 等. 连作对不同类型植烟土壤化学性状、酶活性及细菌群落的影响[J]. *中国烟草科学*, 2021, 42(5): 30–35.
- [25] 匡志豪, 殷全玉, 李想, 等. 生物炭对不同烤烟品种生理及烟草黑胫病的影响[J]. *江苏农业科学*, 2023, 51(15): 100–105.
- [26] 郑雪芳, 刘波, 朱育菁, 等. 整合微生物组菌剂对番茄种子萌发和幼苗生长的影响及其对青枯病的防治效果[J]. *中国生物防治学报*, 2019, 35(6): 908–914.
- [27] 白茂军, 范成平, 田玉琴, 等. 基于通径分析下烟草黑胫病发病程度与土壤环境间的关系研究[J]. *江西农业学报*, 2023, 35(2): 101–109.
- [28] 陈海念. 植烟土壤土传病害区土壤微生物生态特征变化及其影响因素分析[D]. 贵阳: 贵州大学, 2020.
- [29] 樊俊, 谭军, 王瑞, 等. 烟草青枯病发病土壤理化性状及细菌群落结构分析[J]. *中国烟草科学*, 2021, 42(6): 15–21.
- [30] 谭军, 周冀衡, 李强, 等. 氮素形态对烟草黑胫病发生的影响[J]. *中国烟草科学*, 2017, 38(4): 80–85.
- [31] 董鲜, 郑青松, 王敏, 等. 铵态氮和硝态氮对香蕉枯萎病发生的比较研究[J]. *植物病理学报*, 2015, 45(1): 73–79.
- [32] 郭莹, 杨晓云, 司朝光, 等. 不同形态氮素营养对大白菜芝麻状斑点病发生的影响[J]. *园艺学报*, 2011, 38(8): 1489–1497.
- [33] 蔡燕飞, 廖宗文, 章家恩, 等. 生态有机肥对番茄青枯病及土壤微生物多样性的影响[J]. *应用生态学报*, 2003, 14(3): 349–353.
- [34] 李红丽, 李清飞, 郭夏丽, 等. 调节土壤微生态防治烟草青枯病[J]. *河南农业科学*, 2006(2): 57–60.
- [35] 张福锁, 申建波. 根际微生态系统理论框架的初步构建[J]. *中国农业科技导报*, 1999, 1(4): 15–20.
- [36] 胡骞予, 蔡永占, 韩小女, 等. 健康与感染黑胫病烟株根际土壤细菌群落结构与多样性[J]. *福建农业学报*, 2022, 37(2): 233–239.
- [37] 齐虹凌, 贺国强, 李恒全, 等. 轮作与连作对烤烟不同生育期根际土壤细菌群落结构的影响[J]. *中国烟草学报*, 2015, 21(5): 42–48.
- [38] 陈乾锦, 林书震, 李红丽, 等. 邵武烟田土壤微生物群落结构变化与烟草青枯病发生关系初报[J]. *中国烟草学报*, 2019, 25(4): 64–71.
- [39] Dong W Y, Liu E K, Yan C R, et al. Impact of no tillage vs. conventional tillage on the soil bacterial community structure in a winter wheat cropping succession in Northern China[J]. *European Journal of Soil Biology*, 2017, 80: 35–42.
- [40] 王庆峰, 周德平, 褚长彬, 等. 炭疽病发病草莓与健康草莓根际细菌群落结构及功能差异[J]. *土壤通报*, 2022, 53(6): 1404–1412.
- [41] 黎妍妍, 王林, 彭五星, 等. 烟草青枯病不同发病阶段根际土壤微生物群落变化趋势分析[J]. *中国烟草科学*, 2020, 41(5): 73–78.
- [42] 杨珍福, 吴毅歆, 陈映岚, 等. 烟草拮抗内生细菌的筛选与防病促生长效果[J]. *中国烟草科学*, 2014, 35(6): 48–53.
- [43] 禹飞, 梁俊峰, 史静龙, 等. 林冠受损对小坑林场土壤固碳微生物群落结构的影响[J]. *微生物学通报*, 2017, 44(10): 2297–2306.
- [44] Hu Y, Li Y Y, Yang X Q, et al. Effects of integrated biocontrol on bacterial wilt and rhizosphere bacterial community of tobacco[J]. *Scientific Reports*, 2021, 11(1): 2653.
- [45] Locey K J, Lennon J T. Scaling laws predict global microbial diversity[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2016, 113(21): 5970–5975.