

孟佳丽, 吴绍军, 沈 虹, 等. 不同药剂处理对西瓜连作土壤的影响[J]. 江苏农业学报, 2021, 37(3): 651-659.
doi: 10.3969/j.issn.1000-4440.2021.03.013

不同药剂处理对西瓜连作土壤的影响

孟佳丽, 吴绍军, 沈 虹, 周玲玲, 张黎杰, 余 翔

(江苏省农业科学院宿迁农业科学研究所, 江苏 宿迁 223800)

摘要: 以未经任何处理的种植 1 年西瓜的土壤为对照, 采用高通量测序技术分析生石灰、敌克松、根宝、枯草芽孢杆菌、甲霜噁霉灵处理对西瓜连作土壤微生物群落的影响, 并揭示土壤微生物群落与土壤养分含量及理化性质的相关性。结果表明, 连作后土壤中的细菌菌群相对丰度降低, 真菌菌群相对丰度增加。经过枯草芽孢杆菌处理的土壤中芽孢杆菌属菌群相对丰度提高。经过敌克松处理的土壤中水小杆菌属菌群相对丰度明显高于其他处理。连作后土壤中镰刀菌属真菌的比例上升。敌克松和根宝处理后, 土壤中红菇属、曲霉属菌群相对丰度升高, 镰刀菌属菌群相对丰度降低。芽孢杆菌属菌群相对丰度与铵态氮含量呈显著正相关, 与土壤 *EC* 值呈显著负相关。类诺卡氏菌属菌群的相对丰度与土壤 *EC* 值呈极显著负相关。相对细菌菌群而言, 真菌菌群受土壤理化性质影响较小。镰刀菌属真菌与土壤 *EC* 值呈显著正相关。说明, 西瓜连作土壤采用杀菌剂处理或适量添加生物有机肥和微生物菌剂有利于土壤微生态环境的改善。

关键词: 土壤处理; 连作障碍; 微生物群落; 西瓜

中图分类号: S651 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-4440(2021) 03-0651-09

Effects of different chemical treatments on continuous cropping soil of watermelon

MENG Jia-li, WU Shao-jun, SHEN Hong, ZHOU Ling-ling, ZHANG Li-jie, YU Xiang

(Suqian Institute of Agricultural Sciences, Jiangsu Academy of Agricultural Sciences, Suqian 223800, China)

Abstract: Taking the untreated soil in which watermelons were cultivated continuously for one-year as control, the effects of quicklime, Dixon, Genbo, *Bacillus subtilis* and metalaxyl-hymexazol on the microbial community in soils of continuous cropping watermelon were analyzed by high-throughput sequencing technology, and correlations between soil microbial community and soil nutrient content, physical and chemical properties were revealed. The results showed that, the relative abundance of bacterial flora in the soils decreased after continuous cropping, and the relative abundance of fungal flora increased. The relative abundance of *Bacillus* flora in the soils treated with *Bacillus subtilis* increased. The relative abundance of *Aquabacterium* flora in soils treated with Dixon was significantly higher than other treatments. The proportion of *Fusarium* fungi in the soil increased after continuous cropping. The relative abundance of *Russula* and *Aspergillus* floras increased and the relative abundance of *Fusarium* flora decreased in the soils treated with Dixon and Genbo. The relative abundance of *Bacillus* flora in the soils was in significant positive correlation with ammonium nitrogen content, and was in significant negative correlation with soil *EC* value. The relative abundance of *Nocardioideis* flora was in extreme significant negative correlation with soil *EC* value. Compared with the bacterial flora, the fungal flora was

收稿日期: 2020-10-13

基金项目: 江苏省宿迁市农业科技自主创新基金项目(SQCX202009);
江苏省农业重大新品种创制项目(PZCA201716)

作者简介: 孟佳丽(1987-), 女, 江苏徐州人, 硕士研究生, 主要从事西甜瓜育种与栽培技术研究。(Tel) 18800609680; (E-mail) jiali1415118@163.com

通讯作者: 余 翔, (Tel) 15850917070; (E-mail) yx003@163.com

increased and the relative abundance of *Fusarium* flora decreased in the soils treated with Dixon and Genbo. The relative abundance of *Bacillus* flora in the soils was in significant positive correlation with ammonium nitrogen content, and was in significant negative correlation with soil *EC* value. The relative abundance of *Nocardioideis* flora was in extreme significant negative correlation with soil *EC* value. Compared with the bacterial flora, the fungal flora was

less affected by the physical and chemical properties of the soils. The abundance of *Fusarium* community was in significant positive correlation with soil EC value. In the continuously cropping soils of watermelon, the soil micro-ecological environment was improved by fungicides treatment or appropriate bio-organic fertilizer and microbial agent treatment.

Key words: soil treatment; continuous cropping obstacle; microbial community; watermelon

据联合国粮农组织 (FAO) 统计, 2018 年世界西瓜种植总面积 $3.24 \times 10^6 \text{ hm}^2$, 总产量 $1.03 \times 10^8 \text{ t}$ 。中国西瓜种植总面积 $1.50 \times 10^6 \text{ hm}^2$, 总产量 $6.30 \times 10^7 \text{ t}$ 。目前中国有 2 个西瓜主产区: 中南产区和华东产区。中南产区包括河南、湖南等地, 华东产区包括山东、安徽、江苏等地。2018 年江苏省西瓜种植面积 $1 \times 10^5 \text{ hm}^2$, 占全国西瓜种植面积的 6.20%。设施栽培西瓜以其上市早、效益高的优势深受农户欢迎, 生产面积逐年扩大。据统计, 2018 年西瓜的设施栽培面积 $8.87 \times 10^4 \text{ hm}^2$, 占西瓜栽培总面积的 71.18%。

瓜类作物极易产生连作障碍, 主要原因有: ①土传病虫害频繁发生。蔓枯病、枯萎病和根结线虫病为常见三大病虫害^[1-2]。子囊菌亚门真菌瓜类球腔菌容易引发瓜类蔓枯病, 表现为植株叶片、瓜蔓枯死和果实腐烂。尖孢镰刀菌侵染植株根系引发的枯萎病, 贯穿西瓜整个生育期, 最严重时结果期整株发病死亡。南方根结线虫侵染西瓜根系, 造成根部形态扭曲, 影响根系生理功能^[3]。②土壤次生盐渍化。西瓜种植需肥量大, 但生长过程中对土壤中大量元素和微量元素吸收不均衡, 而且西瓜种植密度低, 大量施肥后无法吸收的养分残存在土壤中。多年连作后土壤中盐分积累, 次生盐渍化加重, 引发西瓜生长发育障碍^[4]。③自毒作用。西瓜根系分泌的苯甲酸、肉桂酸等自毒物质, 对西瓜根系生长具有毒害作用, 会抑制自身或同科作物的正常生长发育, 长期积累在土壤中会造成连作障碍^[5]。④土壤环境恶化。设施栽培中土壤长期被覆盖, 缺少雨水淋洗, 土壤养分失衡, 土壤中细菌、放线菌、真菌的种类和数量发生改变, 各种酶活性也发生变化^[6]。要治理连作障碍, 实现西瓜的长期种植, 首先要了解连作障碍形成的原因, 然后运用生物生态防控措施, 改善不良生产环境, 为西瓜长期种植创造有利条件。所以, 如何规避连作障碍是当前农业生产所面临的重要课题。

治理西瓜连作障碍的方法主要有: ①选择抗病抗逆性强的品种, 从根本上解决连作障碍的问题。但是抗性基因往往与不良性状连锁, 提高抗性的同时可能会伴随品质下降。目前蔬菜育种的一个重要

方向就是利用分子生物学技术, 打破基因连锁, 增强抗性基因表达, 同时不影响果实品质。②利用砧木嫁接。西瓜连作区一般采用葫芦或南瓜作为砧木。目前西瓜嫁接苗生产已经成为一项新兴产业, 农户提供西瓜及砧木种子, 由嫁接工厂代为育苗嫁接, 专业化程度高, 管理规范, 成苗率高。③对土壤进行杀菌消毒, 消灭病原菌, 降解西瓜根系产生的自毒物质。一般多采用高温闷棚配合化学药剂的方式对设施内土壤消毒, 能够迅速杀灭土壤中的微生物、地下害虫、杂草等。一般在春西瓜结束后的六七月份, 清理田间瓜蔓和杂草, 翻耕后上水漫灌, 撒入石灰氮, 并覆盖地膜, 关闭棚室。夏季晴天时, 通过阳光曝晒, 棚室内温度可达 $50 \sim 70 \text{ }^{\circ}\text{C}$, 可有效杀灭病原菌和地下害虫, 同时降解土壤中有毒物质。④施用生物菌剂。微生物菌剂与病原菌相互竞争, 抑制病原菌扩张。同时有益微生物能够分泌出广谱抗菌物质, 抑制或杀灭病原菌, 从而达到防治作物病害的目的^[7]。⑤配方施肥, 合理施用肥料。西瓜在生长过程中长期从土壤中吸收相同的营养成分, 导致土壤中某一种或某一类营养元素亏缺, 而吸收较少的营养元素则日益累积, 长此以往土壤养分失衡。测土配方施肥能够有针对性地平衡土壤养分, 对植株的健康生长有利。施肥的基本原则应该以有机肥为主、化肥为辅, 适当添加微生物肥料^[8]。

本研究拟从土壤改良的角度, 采用生石灰、敌克松、根宝、枯草芽孢杆菌、噁霉灵对西瓜连作土壤进行处理, 讨论其对连作土壤理化性质及微生物群落的影响。为解决连作障碍问题提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 试验地点

试验地点选在江苏省宿迁市农业科学研究院运河湾试验基地的钢架大棚内。原始土壤为壤土, pH 为 7.89, 肥力中等。2018 年种植过西瓜, 2019 年春季开展试验。供试西瓜品种为迁丽 1 号, 株距 55 cm, 采用双蔓整枝。

1.2 试验设计

采用单因素随机区组试验设计, 以未经处理的

连作 1 年的土壤(F)为对照,设置生石灰(A)、敌克松(B)、根宝(C)、枯草芽孢杆菌(D)、甲霜噁霉灵(E)共 5 个土壤处理。原始土样为空白对照,不种植西瓜。每处理重复 3 次,每小区 10 株。生石灰主要成分为氧化钙,含量 99% 以上;敌克松由孚润德公司生产,有效成分为 70% 敌磺钠粉剂;根宝为国光农化股份有限公司生产的含氨基酸水溶肥,氨基酸含量 ≥ 100 g/L,钙含量 ≥ 30 g/L;枯草芽孢杆菌为中国科学院植物保护研究所廊坊农药中试厂生产的可湿性粉剂,枯草芽孢杆菌有效成分含量为 $1 \text{ g } 1 \times 10^{11}$ 个;甲霜噁霉灵为中国科学院植物保护研究所廊坊农药中试厂生产的水剂,总有效成分含量 3%,噁霉灵含量 2.5%,甲霜灵含量 0.5%。各处理的田间管理措施保持一致。

1.3 样品采集

2019 年 6 月 15 日,在每个小区随机取 5 个采样点,采集 5~15 cm 土层土样,分别混匀每个处理的土样,并去除杂质,分成 2 份。将第 1 份土样过筛,采用干冰保存,用于微生物群落高通量分析。将第 2 份土样风干粉碎后过筛,用于土壤理化性质分析和养分含量测定。

1.4 土壤养分含量测定及理化性质分析

铵态氮的测定采用 KCl-靛酚蓝比色法,有效钾的测定采用 HNO_3 -火焰光度计测定法,速效磷的测定采用 NaHCO_3 -钼锑抗比色法,pH 值的测定采用电位法,EC 值的测定采用电位法。

1.5 土壤微生物多样性测定方法

1.5.1 测定流程概述 针对 16 S V4-V5 区,设计引物扩增后获得 420 bp 左右片段。加接头后使用 NovaSeq 平台测序,获得 2×250 bp 双端测序数据。拼接后对所得较长序列进行 16 S 分析。

针对 ITS 区,设计引物扩增后得到 310 bp 左右片段。加接头后使用 NovaSeq 平台测序,获得 2×250 bp 双端测序数据。拼接后对所得较长序列进行 ITS 分析^[9-11]。

1.5.2 数据分析流程 将测序原始数据拼接,去除干扰数据。将有效数据进行聚类分析,注释代表序列的物种信息和相对丰度分布。并对所选序列进行比对,构建系统发生树,探讨不同土壤样本之间群落结构的差异。最后结合环境因素分析多样性指数和环境因子的相关性^[12-14]。

1.6 数据处理

采用 IBM SPSS Statistics 22 软件进行数据处理,采用单因素 ANOVA 方差分析和 Pearson 分析。

2 结果与分析

2.1 不同处理对土壤养分及理化性质的影响

由表 1 可以看出,原始土样的铵态氮含量为 76.67 mg/kg,显著高于敌克松处理的 46.67 mg/kg。有效钾含量以根宝最高,与敌克松处理、枯草芽孢杆菌处理、甲霜噁霉灵处理、对照和原始土样之间差异显著。速效磷含量对照最高,为 40.60 mg/kg,与敌克松处理、枯草芽孢杆菌处理、根宝处理和原始土样差异不显著;甲霜噁霉灵处理后土壤中速效磷含量最低,为 29.60 mg/kg。仅有敌克松处理后的土壤为中性,pH 值 7.46,其余土壤均为碱性土,pH 值超过 7.50,其中枯草芽孢杆菌处理的土壤 pH 值最高,为 7.84。由于连续种植,部分处理土壤发生盐渍化,生石灰处理、敌克松处理和甲霜噁霉灵处理的土壤 EC 值超过 2.00。根宝处理、枯草芽孢杆菌处理、对照和原始土样的 EC 值低于 2.00,其中枯草芽孢杆菌处理的效果最好,土壤 EC 值仅为 1.10。

表 1 不同处理对土壤养分及理化性质的影响

Table 1 Effects of different treatments on soil nutrients and physical and chemical properties

处理	铵态氮 (mg/kg)	有效钾 (mg/kg)	速效磷 (mg/kg)	pH	EC 值 (dS/m)
生石灰	53.33±3.33ab	300.00±35.12ab	32.83±2.08bc	7.53±0.05bc	2.44±0.09a
敌克松	46.67±3.33b	229.67±13.69b	38.50±1.66ab	7.46±0.06c	2.21±0.10ab
根宝	70.00±11.55ab	375.00±61.65a	39.40±2.40ab	7.68±0.08ab	1.58±0.18bc
枯草芽孢杆菌	60.00±10.00ab	251.00±27.79b	35.33±2.41abc	7.84±0.04a	1.10±0.37c
甲霜噁霉灵	66.67±8.82ab	245.00±11.00b	29.60±1.97c	7.62±0.05bc	2.12±0.13ab
对照	53.33±12.02ab	276.67±17.49b	40.60±1.20a	7.58±0.04bc	1.48±0.12c
原始土样	76.67±3.33a	243.67±20.54b	35.23±3.47abc	7.53±0.07bc	1.22±0.25c

同一列数据后不同小写字母表示差异显著 ($P < 0.05$)。

2.2 不同土壤处理对土壤微生物多样性的影响

样品稀释曲线以测序量为横轴,物种数为纵轴,反映了测序数据合理性和物种丰富度。曲线趋于平坦,说明测序量合理。由图 1 可知,各处理曲线末端趋于平坦,说明取样合理,足以反映土壤微生物组成。

2.2.1 不同土壤处理细菌属水平主要物种相对丰度比较 基于分类单元的相对丰度和注释信息,对样品中绝对丰度排名前 20 的属绘制物种相对丰度柱状图(图 2)。经过生石灰处理的土壤和原始土样中丛毛单胞菌科杆菌属(*Curvibacter*)、芽孢杆菌属(*Bacillus*)和类诺卡氏菌属(*Nocardioide*)菌群的物种相对丰度较高,其中生石灰处理的土壤中丛毛单胞菌科杆菌属、芽孢杆菌属和类诺卡氏菌属菌群所占比例分别为 6.29%、5.44% 和 4.13%,原始土样中这 3 种菌群所占比例分别为 17.15%、11.63% 和 6.52%。经过敌克松处理的土壤水小杆菌属(*Aquabacterium*)、芽孢杆菌属和丛毛单胞菌科杆菌属菌群的相对丰度较高。经过根宝和甲霜噁霉灵处理的土壤丛毛单胞菌科杆菌属、芽孢杆菌属和水小杆菌属菌群的相对丰度较高。枯草芽孢杆菌处理后,土壤中丛毛单胞菌科杆菌属、芽孢杆菌属、类诺卡氏菌属和鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)菌群的相对丰度较高。对照土壤中丛毛单胞菌科杆菌属、水小杆菌属和芽孢杆菌属菌群的相对丰度较高。原始土样中相对丰度排名前 20 的细菌菌群相对丰度总和为 54.98%,经过 1 年西瓜连作种植后,降低到 31.65%~43.08%。由此可见,连作之后土壤中的细菌菌群相对丰度降低。经过枯草芽孢杆菌处理的土壤中芽孢杆菌属菌群相对丰度提高。经过敌克松处理的土壤中水小杆菌属菌群相对丰度明显高于其他处理。

2.2.2 不同土壤处理真菌属水平主要物种相对丰度比较 从图 3 可以看出,生石灰处理后,土壤中红菇属(*Russula*)、镰刀菌属(*Fusarium*)和双水母属(*Amphinema*)菌群的相对丰度较高。敌克松处理后,土壤中红菇属、镰刀菌属、双水母属和曲霉属(*Aspergillus*)菌群相对丰度较高。根宝处理后,土壤中曲霉属、镰刀菌属、红菇属和蜡壳耳属(*Sebacina*)菌群相对丰度较高。枯草芽孢杆菌处理后,土壤中红菇属、曲霉属和镰刀菌属菌群相对丰度较高。甲霜噁霉灵处理和对照土壤中红菇属、曲霉属、蜡壳耳

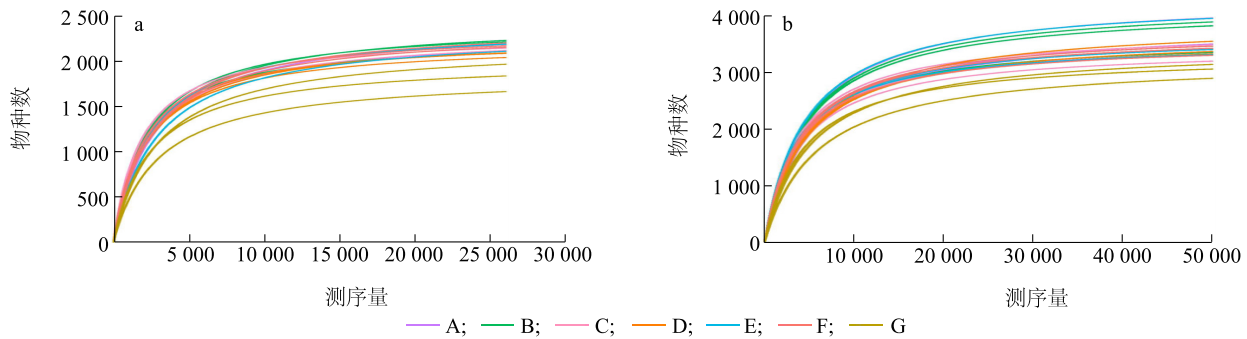
属和镰刀菌属菌群相对丰度较高。原始土样中曲霉属、红菇属和镰刀菌属菌群相对丰度较高。由此可见,连作提高了土壤中镰刀菌属真菌的比例。同时连作土壤中相对丰度排名前 20 的真菌菌群相对丰度明显上升,均高于原始土样。

2.3 不同处理土壤微生物多样性指数

由表 2 可知,不同土壤处理之间细菌多样性指数无显著差异。原始土样细菌群落丰富度指数、属个数和谱系多样性指数分别为 1 836.75、1 461.00 和 107.07,其细菌群落相对丰度和多样性均显著低于其他处理。不同土壤处理之间的真菌多样性指数无显著差异。原始土样真菌的属个数、谱系多样性指数、香农-威娜指数和辛普森多样性指数分别为 2 379.330 0、316.070 0、6.580 0 和 0.909 6,均显著低于其他处理,表明其真菌群落的多样性较低。

2.4 不同处理土壤养分含量和理化性质对土壤微生物群落组成的影响

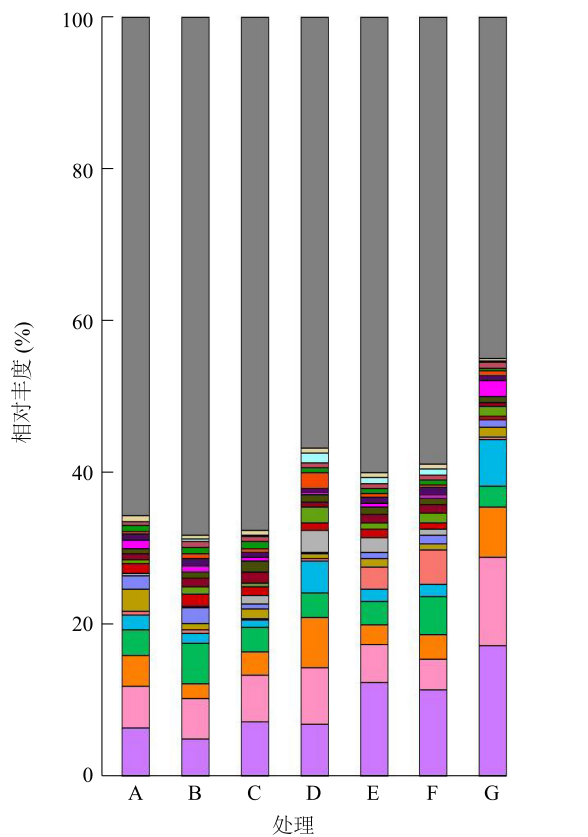
由表 3 可知,土壤中芽孢杆菌属菌群的相对丰度和铵态氮含量呈显著正相关,和 EC 值呈显著负相关。类诺卡氏菌属菌群相对丰度与 EC 值呈极显著负相关。特吕珀菌属菌群的相对丰度与土壤 pH 值呈极显著负相关,相关系数为 -0.681;与 EC 值呈极显著正相关。未识别菌群(EcFYyy-200)的相对丰度和土壤 pH 值呈极显著正相关。迟钝水杆型菌属菌群的相对丰度与 EC 值呈极显著正相关。未识别菌群(Subgroup 10)的相对丰度和土壤中的有效钾含量呈显著正相关。产蛋白酶中度嗜盐菌属菌群的相对丰度和土壤 pH 值呈显著负相关。膨胀芽孢杆菌属菌群的相对丰度和土壤 pH 值呈显著负相关,和 EC 值呈显著正相关。未识别菌群(*Paenisporsarcina*)的相对丰度和土壤 pH 值呈极显著正相关;和 EC 值呈显著负相关。拟绿胶蓝细菌属菌群的相对丰度与土壤 pH 值呈显著正相关。未识别菌群(*Gaiella*)的相对丰度与土壤中的有效钾含量呈极显著正相关。其他菌群的相对丰度与土壤 EC 值呈显著正相关。与土壤铵态氮含量呈显著正相关的细菌菌群有 1 个,与有效钾含量呈显著正相关的细菌菌群有 2 个,与土壤 pH 值具有显著相关性的细菌菌群有 6 个,与 EC 值具有显著相关性的细菌菌群有 7 个。速效磷含量的改变对土壤细菌菌群的相对丰度无影响。



A:生石灰处理;B:敌克松处理;C:根宝处理;D:枯草芽孢杆菌处理;E:甲霜噁霉灵处理;F:对照;G:原始土样。

图1 土壤16S rRNA(a)、ITS rRNA(b)稀释曲线

Fig.1 Dilution curves of 16S rRNA(a) and ITS rRNA(b) in the soil

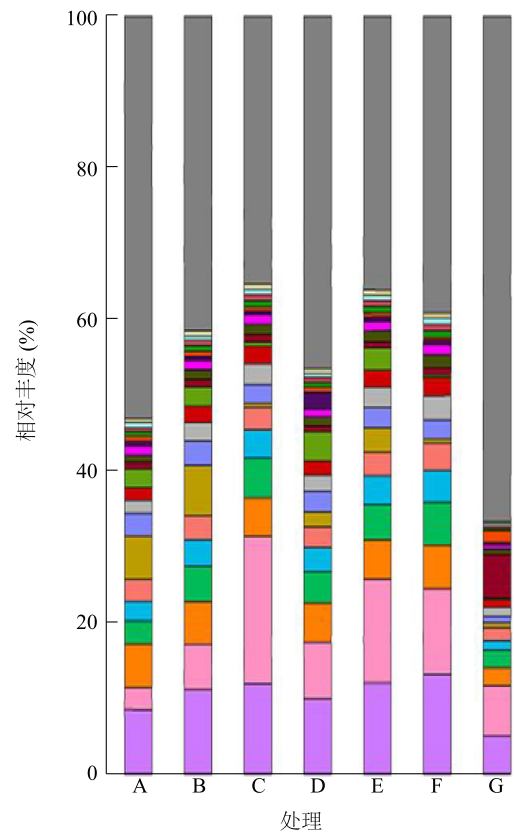


■ 丛毛单胞菌科杆菌属(*Curvibacter*); ■ 芽孢杆菌属(*Bacillus*);
■ 类诺卡氏菌属(*Nocardioides*); ■ 水小杆菌属(*Aquabacterium*);
■ 鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*); ■ 红球菌属(*Rhodococcus*);
■ 链霉菌属(*Streptomyces*); ■ 特吕珀菌属(*Truepera*);
■ 未识别(EcFYyy-200); ■ 反硝化类固醇杆菌属(*Undibacterium*);
■ 迟钝水杆菌属(*Steroidobacter*); ■ 未识别(MND1);
■ 未识别(Subgroup 10); ■ 膨胀芽孢杆菌属(*Tumebacillus*);
■ 产蛋白酶中度嗜盐菌属(*Thalassobacillus*);
■ 未识别(*Paenisporosarcina*); ■ 未识别(*Pir4 lineage*);
■ 拟绿胶蓝细菌属(*Chlorogloeopsis* PCC-7518);
■ 东革拉属(*Dongia*); ■ 未识别(*Gaiella*); ■ 其他

处理 A、B、C、D、E、F、G 见图1注。

图2 不同土壤处理细菌属水平的物种相对丰度

Fig.2 Relative abundance of species at bacterial genus level under different soil treatments



■ 红菇属(*Russula*); ■ 曲霉属(*Aspergillus*);
■ 镰刀菌属(*Fusarium*); ■ 蜡壳耳属(*Sebacina*);
■ 蜡蘑属(*Laccaria*); ■ 念珠菌属(*Candida*);
■ 双水母属(*Amphinema*); ■ 被孢霉属(*Mortierella*);
■ 棉草菌属(*Tomentella*); ■ 丝衣霉属(*Byssoschlamys*);
■ 粘盖牛肝菌属(*Suillus*); ■ 青霉菌属(*Penicillium*);
■ 未识别(*Thozetella*); ■ 木霉属(*Trichoderma*);
■ 毛壳菌属(*Chaetomium*); ■ 枝顶孢霉属(*Acremonium*);
■ 鬼伞属(*Coprinellus*); ■ 乳菇属(*Lactarius*);
■ 微囊菌属(*Microascus*); ■ 稻瘟病菌属(*Magnaporthe*);
■ 其他

处理 A、B、C、D、E、F、G 见图1注。

图3 不同处理土壤真菌属水平的物种相对丰度

Fig.3 Relative abundance of species at fungal genus level under different soil treatments

表 2 不同处理的土壤微生物多样性指数

Table 2 Soil microbial diversity index of different treatments

类别	处理	菌种丰富度指数	属个数	谱系多样性指数	香农-威娜指数	辛普森多样性指数 ($\times 10^{-2}$)	测序深度指数 ($\times 10^{-2}$)
细菌	生石灰	2 152.49 \pm 36.85a	1 755.33 \pm 11.68a	125.17 \pm 0.93a	8.73 \pm 0.08a	99.16 \pm 0.12a	98.22 \pm 0.04b
	敌克松	2 189.97 \pm 57.43a	1 831.33 \pm 23.45a	130.23 \pm 1.31a	8.81 \pm 0.10a	99.16 \pm 0.18a	98.25 \pm 0.08ab
	根宝	2 134.90 \pm 23.40a	1 810.00 \pm 23.00a	129.83 \pm 1.52a	8.71 \pm 0.18a	98.91 \pm 0.46a	98.31 \pm 0.20ab
	枯草芽孢杆菌	2 100.88 \pm 8.00a	1 749.00 \pm 14.00a	126.55 \pm 0.90a	8.31 \pm 0.12ab	98.62 \pm 0.22a	98.30 \pm 0.04ab
	甲霜噁霉灵	2 193.75 \pm 34.30a	1 779.67 \pm 48.98a	128.15 \pm 2.66a	8.28 \pm 0.47ab	97.16 \pm 2.02a	98.17 \pm 0.04b
	对照	2 206.25 \pm 5.42a	1 794.67 \pm 20.19a	130.13 \pm 1.40a	8.29 \pm 0.25ab	97.87 \pm 0.71a	98.16 \pm 0.03b
	原始土样	1 836.75 \pm 93.03b	1 461.00 \pm 87.41b	107.07 \pm 4.57b	7.18 \pm 0.79b	94.26 \pm 4.09a	98.38 \pm 0.05a
真菌	生石灰	3 665.88 \pm 170.88a	2 930.00 \pm 120.43a	375.55 \pm 11.69a	8.74 \pm 0.04a	99.24 \pm 0.90a	98.29 \pm 1.30a
	敌克松	3 734.70 \pm 146.83a	3 025.33 \pm 92.56a	381.95 \pm 8.33a	8.64 \pm 0.11a	99.05 \pm 0.14a	98.28 \pm 1.60a
	根宝	3 373.59 \pm 86.73ab	2 822.67 \pm 65.28a	358.80 \pm 8.87a	8.54 \pm 0.09a	98.78 \pm 0.21a	98.58 \pm 0.05a
	枯草芽孢杆菌	3 474.70 \pm 77.30ab	2 769.00 \pm 36.12a	356.29 \pm 3.83a	8.17 \pm 0.15a	98.73 \pm 0.19a	98.36 \pm 0.09a
	甲霜噁霉灵	3 594.90 \pm 195.21a	2 978.33 \pm 119.14a	374.07 \pm 13.91a	8.65 \pm 0.07a	99.04 \pm 0.13a	98.45 \pm 0.18a
	对照	3 432.98 \pm 69.59ab	2 880.67 \pm 26.50a	361.29 \pm 1.88a	8.73 \pm 0.06a	99.21 \pm 0.08a	98.59 \pm 0.04a
	原始土样	3 077.09 \pm 81.40b	2 379.33 \pm 102.53b	316.07 \pm 9.74b	6.58 \pm 0.40b	90.96 \pm 2.10b	98.46 \pm 0.06a

相对细菌菌群而言,真菌菌群的相对丰度受土壤理化性质影响较小。曲霉属菌群的相对丰度与土壤有效钾含量呈显著正相关。镰刀菌属菌群的相对丰度与土壤 EC 值呈显著正相关。双水母属菌群的相对丰度与土壤铵态氮含量呈显著负相关,与 EC 值呈极显著正相关。被孢霉属菌群的相对丰度与土壤 EC 值呈显著正相关。粘盖牛肝菌属菌群的相对丰度与土壤铵态氮含量呈显著负相关。毛壳菌属菌群的相对丰度与土壤 pH 值呈极显著正相关。与土壤铵态氮含量显著负相关的真菌菌群有 2 个,与有效钾含量显著正相关的真菌菌群有 1 个,与土壤 pH 值极显著正相关的真菌菌群有 1 个,与 EC 值具有显著相关性的真菌菌群有 3 个。速效磷含量对土壤真菌菌群的相对丰度无影响。

3 讨 论

多种因素相互作用导致了土壤连作障碍,其中土壤微环境恶化和植物自毒作用两方面的因素起主导作用^[15-16]。土壤微生物多样性研究主要集中在物种多样性、遗传多样性、结构多样性及功能多样性 4 个方面。同种作物连续种植多年后,根系土壤微环境发生变化,土壤肥力降低,土壤中细菌菌群数量和相对丰度降低,真菌菌群数量和相对丰度增加,标志着土壤开始衰竭^[17]。其他作物,比如葡萄,经过

连作后土壤中细菌群落多样性降低 11.7%,真菌群落多样性降低 5.2%,微生物种类与构成发生了显著变化^[18]。本研究结果也表明,经过 2 年西瓜连作后,细菌群落的多样性明显降低,相对丰度排名前 20 的细菌菌群相对丰度总和显著降低。而土壤中真菌菌群的相对丰度明显上升。其次连作导致土壤微生物多样性失调,微生物的碳代谢水平显著下降^[19-20]。最后连作导致土壤中有害菌群和根结线虫增加。本研究结果表明,连作后土壤中镰刀菌属真菌的比例增加。也有相关研究表明,苹果连作后,土壤中镰刀菌的数量比对照提高了 6 倍,植株出现茎粗降低、株高下降的现象^[21]。

土壤改良是解决连作障碍的方法之一。一是增施有机肥。合理配方施肥,减少化肥用量,可以改善土壤理化性状,调节土壤微环境,缓解连作障碍。研究发现,番茄连作时增施有机肥可提高脲酶活性,降低过氧化氢酶活性,改善设施土壤微环境^[22]。增施全水溶性有机肥后,连作甜瓜的株高、叶片数及根茎叶鲜质量均显著提高,从而增加了甜瓜的产量^[23]。本研究结果也表明,增施氨基酸水溶肥根宝后,土壤中养分综合含量提高。二是添加土壤改良剂。研究结果表明,连续种植桃树的土壤中施用生物炭,可提高有机质含量及蔗糖酶活性^[24]。三是对土壤消毒。

表3 土壤养分和理化性质对微生物属水平物种相对丰度的影响

Table 3 Effects of soil nutrients and physical and chemical properties on relative abundance of species at microbial genus level

项目		铵态氮	有效钾	速效磷	pH	EC 值
细菌	丛毛单胞菌科杆菌属(<i>Curvibacter</i>)	0.074	0.040	-0.234	-0.065	-0.156
	芽孢杆菌属(<i>Bacillus</i>)	0.472 *	-0.232	0.014	-0.028	-0.482 *
	类诺卡氏菌属(<i>Nocardioide</i> s)	0.319	-0.184	-0.080	0.297	-0.646 **
	水小杆菌属(<i>Aquabacterium</i>)	-0.337	-0.316	0.349	-0.332	0.204
	鞘氨醇单胞菌属(<i>Sphingomonas</i>)	0.188	-0.043	-0.280	0.258	-0.183
	红球菌属(<i>Rhodococcus</i>)	0.120	-0.032	0.047	-0.035	-0.111
	链霉菌属(<i>Streptomyces</i>)	-0.011	0.338	-0.262	-0.293	0.411
	特吕珀菌属(<i>Truepera</i>)	-0.392	-0.193	0.061	-0.681 **	0.649 **
	未识别(EcFYy-200)	0.145	-0.067	-0.124	0.686 **	-0.316
	反硝化类固醇杆菌属(<i>Undibacterium</i>)	-0.164	-0.305	0.094	0.312	-0.264
	迟钝水杆型菌属(<i>Steroidobacter</i>)	-0.423	0.003	0.044	-0.161	0.629 **
	未识别(MND1)	-0.075	0.319	0.225	0.067	0.298
	未识别(Subgroup 10)	0.147	0.450 *	0.273	0.350	-0.234
	产蛋白酶中度嗜盐菌属(<i>Thalassobacillus</i>)	0.282	-0.263	-0.032	-0.475 *	-0.101
	膨胀芽孢杆菌属(<i>Tumebacillus</i>)	-0.234	-0.063	0.302	-0.439 *	0.448 *
	未识别(<i>Paenisporosarcina</i>)	0.097	-0.225	-0.070	0.608 **	-0.524 *
	未识别(<i>Pir4 lineage</i>)	-0.248	0.336	0.208	0.123	0.377
	东革拉属(<i>Dongia</i>)	-0.039	-0.403	0.402	-0.199	-0.127
	拟绿胶蓝细菌属(<i>Chlorogloeopsis</i> PCC-7518)	-0.014	-0.365	-0.043	0.529 *	-0.316
	未识别(<i>Gaiella</i>)	-0.116	0.561 **	0.124	0.024	0.138
	其他	-0.267	0.176	0.216	-0.068	0.435 *
真菌	红菇属(<i>Russula</i>)	-0.169	0.178	0.239	0.260	0.153
	曲霉属(<i>Aspergillus</i>)	0.371	0.483 *	0.188	0.282	-0.212
	镰刀菌属(<i>Fusarium</i>)	-0.424	0.152	-0.061	0.049	0.436 *
	蜡壳耳属(<i>Sebacina</i>)	-0.147	0.184	0.355	0.301	-0.029
	蜡蘑属(<i>Laccaria</i>)	-0.148	0.134	0.240	0.220	0.124
	念珠菌属(<i>Candida</i>)	-0.275	0.180	0.047	0.189	0.319
	双水母属(<i>Amphinema</i>)	-0.479 *	-0.259	-0.189	-0.305	0.589 **
	被孢霉属(<i>Mortierella</i>)	-0.406	0.125	-0.007	0.042	0.517 *
	棉革菌属(<i>Tomentella</i>)	-0.124	0.131	0.343	0.242	0.024
	丝衣霉属(<i>Byssosclamyces</i>)	-0.186	0.171	0.238	0.258	0.165
	粘盖牛肝菌属(<i>Suillus</i>)	-0.481 *	-0.186	-0.198	-0.002	0.261
	青霉属(<i>Penicillium</i>)	0.412	-0.213	0.029	-0.250	-0.392
	未识别(<i>Thozetella</i>)	-0.150	0.176	0.288	0.215	0.050
	木霉属(<i>Trichoderma</i>)	-0.300	0.205	0.102	0.143	0.348
	枝顶孢霉属(<i>Chaetomium</i>)	0.368	-0.234	-0.070	-0.305	-0.321
	毛壳菌属(<i>Acremonium</i>)	-0.058	-0.128	-0.116	0.685 **	-0.363
	鬼伞属(<i>Coprinellus</i>)	-0.176	0.196	0.192	0.294	0.143
	乳菇属(<i>Lactarius</i>)	0.001	0.162	0.327	0.323	0.056
	微囊菌属(<i>Microascus</i>)	-0.221	0.388	0.000	0.077	0.326
	稻瘟病菌属(<i>Magnaporthe</i>)	-0.126	0.315	0.110	0.209	0.287
	其他	0.189	-0.254	-0.172	-0.245	-0.220

* 和 ** 分别表示显著相关($P<0.05$)和极显著相关($P<0.01$)。

常用的方法有日光曝晒、高温闷棚和化学药剂消毒等。本试验安排的生石灰、敌克松和甲霜噁霉灵处理均基于此,但效果并不显著。四是生物防治,增加有益微生物数量。研究表明,在番茄定植时采用解淀粉芽孢杆菌 B1619 处理土壤,番茄枯萎病菌种群数量比对照平均下降了 43%^[25]。本研究采用枯草芽孢杆菌处理土壤后,丛毛单胞菌科杆菌属菌落相对丰度明显下降。

微生物多样性分析主要针对物种组成的丰富度和均匀度进行分析,反映微生物生态层次上的改变,包括种类、遗传等以及微生物群落的稳定性^[26]。微生物多样性是评估土壤质量和生态系统的重要指标^[27-31]。使用基于属的绝对丰度及注释信息,可有效评估样本的物种注释分辨率及复杂度。属个数指数和菌种丰富度指数反映群落丰富度和样品测序量。香农-威娜指数和辛普森指数反映群落多样性和物种均匀度。谱系多样性指数反映样品中物种进化历史过程中的差异。测序深度指数反映测序深度,即测序时样品中细菌属或真菌属的覆盖程度。本研究发现,不同土壤处理间细菌多样性指数无显著差异,原始土样细菌菌群丰富度指数、属个数和谱系多样性指数分别为 1 836.75、1 461.00 和 107.07,均低于其他处理。不同土壤处理之间的真菌多样性指数无显著差异。原始土样真菌的属个数、谱系多样性指数、香农-威娜指数和辛普森指数均低于其他处理,表明其真菌群落的多样性较低。

研究表明,土壤理化性质、养分含量与微生物群落组成关系密切^[32-33]。吴朝晖等^[34]研究发现,水稻土中的变形菌门群落相对丰度主要受有机质含量影响,而拟杆菌门群落则主要受速效磷含量影响。陈孟立等^[35]研究发现,黄土丘陵地区土壤中细菌群落组成主要受土壤全氮和有机质含量影响。本研究结果表明,土壤中芽孢杆菌属菌群相对丰度与铵态氮含量呈显著正相关,与 EC 值呈显著负相关。类诺卡氏菌属菌群相对丰度与 EC 值呈极显著负相关。相对细菌菌群而言,真菌菌群受土壤理化性质影响较小。曲霉属菌群相对丰度与土壤有效钾含量呈显著正相关。镰刀菌属菌群相对丰度与土壤 EC 值呈显著正相关。双水母属菌群相对丰度与土壤铵态氮含量呈显著负相关,与 EC 值呈极显著正相关。

参考文献:

[1] 陈名蔚,王 峰,韩益飞,等.蔬菜连作障碍成因分析和防止技

术初探[J].南方农业,2017,11(30):3-4.

- [2] 姜 永.蔬菜生产连作障碍的发生与综合防治措施[J].吉林蔬菜,2013(7):26-27.
- [3] 唐丽雪,冯桂芳,丁原书,等.大棚蔬菜根结线虫病害调查研究以及防治对策[J].科技视界,2016(7):52,79.
- [4] 王光飞,高晓东,马 艳,等.生物有机类复合调理剂在设施叶菜障碍土壤上的应用效果[J].中国土壤与肥料,2020(2):56-65.
- [5] 孙 岩,刘学东,侯秀明,等.作物自毒作用研究和防治技术[J].上海蔬菜,2020(3):88-89.
- [6] 王军芳.设施蔬菜土壤环境恶化原因及防治对策[J].农业开发与装备,2019(8):170-171.
- [7] LI R F, XU Y. Fermentation optimization to improve production of antagonistic metabolites by *Bacillus subtilis* strain BS501a [J]. Journal of Central South University of Technology, 2011 (18): 1047-1053.
- [8] 何世朋,梁 斌,武德军,等.设施菜地番茄的养分需求规律研究[J/OL].华北农学报,2020,35(5)61-67[2020-10-12].http://kns.cnki.net/kcms/detail/13.1101.S.20200730.1329.002.html.
- [9] ANDRE P M, ANDREA K B, JAKUB M T, et al. PANDAseq: paired-end assembler for illumina sequences[J]. BMC Bioinformatics, 2012,13:31-38.
- [10] EDGAR R. Taxonomy annotation and guide tree errors in 16S rRNA databases.[J]. Peer J,2018,6(4):e5030.
- [11] BRIAN D O, NICHOLAS H B, ADAM M P. Interactive metagenomic visualization in a Web browser[J]. BMC Bioinformatics, 2011,12(1):385-392.
- [12] DAVIDE B, RUBEN G O, PHILIPP C M, et al. Structure and function of the bacterial root microbiota in wild and domesticated barley[J]. Cell Host & Microbe,2015,17(3):392-403.
- [13] ROBERT S, ROBERT E. Quality control and preprocessing of metagenomic datasets[J]. Bioinformatics,2011,27(6):863-864.
- [14] NGUYEN M T, RANAMUKHAARACHCHI S L. Soil-borne antagonists for biological control of bacterial wilt disease caused by *Ralstonia solanacearum* in tomato and pepper[J]. Journal of Plant Pathology,2010,92(2):395-405.
- [15] 甄文超,曹克强,胡同乐,等.作物再植病害的研究进展[J].河北农业大学学报,2001,24(4):98-103.
- [16] 李琼芳.不同连作年限麦冬根际微生物区系动态研究[J].土壤通报,2006,37(3):563-565.
- [17] 李晶晶,续勇波.百合连作年限对设施土壤理化性质和生物学特性的影响[J].土壤通报,2019,50(5):1171-1177.
- [18] 李 坤,郭修武,孙英妮,等.葡萄连作对土壤细菌和真菌种群的影响[J].应用生态学报,2009,20(12):3109-3114.
- [19] 邹春娇,齐明芳,马 建,等.Biolog-ECO 解析黄瓜连作营养基质中微生物群落结构多样性特征[J].中国农业科学,2016,49(5):942-951.
- [20] JIE W, BAI L, YU W, et al. Analysis of interspecific relationships between *Funneliformis mosseae* and *Fusarium oxysporum* in

- the continuous cropping of soybean rhizosphere soil during the branching period[J]. *Biocontrol Science and Technology*, 2015, 25(9): 1036-1051.
- [21] 张志敏, 赵政阳, 樊红科, 等. 苹果根区土壤镰刀菌对再植砧木苗生长的影响[J]. *干旱地区农业研究*, 2009, 27(2): 204-207, 217.
- [22] 刘中良, 高俊杰, 谷端银, 等. 有机肥对设施番茄周年栽培土壤环境和产量的影响[J]. *应用生态学报*, 2020, 31(3): 929-934.
- [23] 沐 婵, 钱荣青, 王海波, 等. 全水溶性有机肥对设施连作种植甜瓜产量及产值的影响[J]. *农业科技通讯*, 2020(8): 126-128.
- [24] 张晓颖. 生物质炭缓解桃连作障碍的效应研究[D]. 武汉: 华中农业大学, 2013.
- [25] 张 斌, 杨晓云, 陈志谊. 解淀粉芽孢杆菌生防菌 B1619 对设施番茄枯萎病的防治效果[C]//中国植物保护学会. 病虫害绿色防控与农产品质量安全——中国植物保护学会 2015 年学术年会论文集. 长春: 中国农业科学技术出版社, 2015.
- [26] KENNEDY A C, SMITH K L. Soil microbial diversity and the sustainability of agricultural soils[J]. *Plant and Soil*, 1995, 170(1): 75-86.
- [27] DANIEL H B, THOMAS M S. Diversity and dynamics of microbial communities in soils from agro-ecosystems[J]. *Environmental Microbiology*, 2003, 5(6): 441-521.
- [28] 徐胜涛, 王攀磊, 何 翔, 等. 植物覆盖对蕉园土壤质量和微生物多样性的影响[J]. *南方农业学报*, 2020, 51(3): 496-504.
- [29] 张变华, 靳东升, 郇春花, 等. 不同方法分析工矿复垦区不同植物根际微生物多样性的比较[J]. *江苏农业科学*, 2019, 47(4): 223-226.
- [30] 彭玉娇, 崔学宇, 谭梦超, 等. 不同立地条件沙田柚果园土壤微生物多样性分析[J]. *南方农业学报*, 2020, 51(5): 1136-1144.
- [31] 林 峰, 杨殿林, 王华玲, 等. 猕猴桃园生草对土壤微生物多样性的影响[J]. *江苏农业科学*, 2020, 48(10): 293-297.
- [32] SAMANTA B C, BRUNO B L, FLAVIO A O, et al. Soil suppressiveness and its relations with the microbial community in a Brazilian subtropical agroecosystem under different management systems[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2016, 96: 191-197.
- [33] 叶 雯, 李永春, 喻卫武, 等. 不同种植年限香榧根际土壤微生物多样性[J]. *应用生态学报*, 2018, 29(11): 3783-3792.
- [34] 吴朝晖, 刘清术, 孙继民, 等. 基于高通量测序的超级稻不同生育期土壤细菌和古菌群落动态变化[J]. *农业现代化研究*, 2018, 39(2): 342-351.
- [35] 陈孟立, 曾全超, 黄懿梅, 等. 黄土丘陵区退耕还林还草对土壤细菌群落结构的影响[J]. *环境科学*, 2018, 39(4): 1824-1832.

(责任编辑: 陈海霞)