

马 澜,邱黛玉,巫 蓉,等.栽培模式对党参根际土壤微生物功能多样性的影响[J].江苏农业学报,2023,39(5):1132-1139.  
doi:10.3969/j.issn.1000-4440.2023.05.005

## 栽培模式对党参根际土壤微生物功能多样性的影响

马 澜<sup>1</sup>, 邱黛玉<sup>1</sup>, 巫 蓉<sup>2</sup>, 郭建陈<sup>1</sup>, 宋世杰<sup>1</sup>, 王 雪<sup>1</sup>, 陈 垣<sup>1</sup>

(1.甘肃农业大学农学院/甘肃省干旱生境作物学重点实验室,甘肃 兰州 730070; 2.南京市六合区中医院,江苏 南京 211599)

**摘要:** 为探究连作与轮作2种栽培模式对党参根际土壤微生物群落结构及功能多样性的影响,本研究以党参连作和黄芪-党参轮作根际为研究对象,采用 Biolog-Eco 技术分析不同栽培模式下根际土壤微生物群落碳源代谢特征及功能多样性差异。结果表明2种栽培模式下,党参根际土壤细菌、真菌、放线菌数量及微生物总数随着党参生长发育均呈先升后降趋势;与轮作相比,连作根际土壤真菌数量显著增加,而细菌及放线菌数量、微生物总数显著降低。党参根际土壤微生物总体代谢活性能力由大到小依次轮作始期、轮作采收期、连作始期、连作采收期;连作采收期根际土壤微生物丰富度降低且分布均匀度较差,对碳源利用能力较弱。4类碳源(1种氨基酸类、1种糖类、2种酯类、1种酸类)与第1主成分(PC1)有较高正相关性,且这些碳源均为有机酸或糖类的衍生物,表明党参连作与轮作根际土壤微生物对碳源利用存在显著差异。本研究结果可为党参连作障碍干预及合理轮作提供参考。

**关键词:** 党参; 连作障碍; 轮作; 根际微生物; 碳源利用

中图分类号: S567.5<sup>+</sup>3

文献标识码: A

文章编号: 1000-4440(2023)05-1132-08

## Effects of cultivation modes on microbial functional diversity in the rhizosphere soil of *Codonopsis pilosula*

MA Lan<sup>1</sup>, QIU Dai-yu<sup>1</sup>, WU Rong<sup>2</sup>, GUO Jian-chen<sup>1</sup>, SONG Shi-jie<sup>1</sup>, WANG Xue<sup>1</sup>, CHEN Yuan<sup>1</sup>

(1.College of Agronomy, Gansu Agricultural University / Gansu Province Key Laboratory of Arid Habitat Crop Science, Lanzhou 730070, China; 2.Luhe District Traditional Chinese Medicine Hospital, Nanjing 211599, China)

**Abstract:** In order to explore the effects of continuous cropping and rotation on the microbial community structure and functional diversity in the rhizosphere soil of *Codonopsis pilosula*, the rhizosphere of *Codonopsis pilosula* continuous cropping and *Astragalus membranaceus*-*Codonopsis pilosula* rotation was used as the research object. Biolog-Eco technology was used to analyze the differences in carbon metabolism characteristics and functional diversity of soil microbial community under different cultivation methods. The results showed that the number of bacteria, fungi, actinomycetes and the total number of microorganisms in the rhizosphere soil of *Codonopsis pilosula* increased first and then decreased with the growth and development of *Codonopsis pilosula* under the two cultivation methods. Compared with rotation, the number of fungi in continuous cropping rhizosphere soil increased significantly,

while the number of bacteria and actinomycetes and the total number of microorganisms decreased significantly. The overall metabolic activity ability of microorganisms in the rhizosphere soil of *Codonopsis pilosula* from large to small in turn was the beginning of rotation, the harvesting period of rotation, the beginning of continuous cropping, and the harvesting period of continuous cropping. In the

收稿日期:2022-09-18

基金项目:国家自然科学基金项目(31960395);国家重点研发计划项目(2018YFC17060301);甘肃省优秀研究生创新之星项目(2022CXZXS-019)

作者简介:马 澜(1998-),女,甘肃嘉峪关人,硕士研究生,主要从事药用植物资源利用。(E-mail)454159427@qq.com

通讯作者:邱黛玉,(E-mail)qiudy@gsau.edu.cn

harvesting period of continuous cropping, the rhizosphere soil microbial richness decreased and the distribution uniformity was poor, and the carbon utilization ability was weak. Four types of carbon sources (including one amino acid, one sugar, two esters, and one acid) had a high positive correlation with the first principal component (PC1), and these carbon sources were derivatives of organic acids or sugars. These results indicated that there were significant differences in the utilization of carbon sources by microorganisms in the rhizosphere soil of continuous cropping and rotation of *Codonopsis pilosula*. The results of this study can provide reference for continuous cropping obstacle intervention and reasonable rotation of *Codonopsis pilosula*.

**Key words:** *Codonopsis pilosula*; continuous cropping obstacle; crop rotation; rhizosphere microorganisms; carbon source utilization

党参[*Codonopsis pilosula* (Franch.) Nannf.]为桔梗科植物。党参、素花党参[*Codonopsis pilosula* Nannf. var. *modesta* (Nannf.) L.T. Shen]或川党参(*Codonopsis tangshen* Oliv.)的干燥根,具有健脾益肺,养血生津的功效<sup>[1]</sup>。党参作为中国大宗药材之一,列入药食同源范畴,需求量逐年呈上升趋势。生产中,党参产业发展带动规模化种植,致使党参连作现象较为普遍,进而导致党参种植区域土壤质量下降、党参产量与品质降低。这种连作障碍在其他根茎类药材(地黄、附子、白术<sup>[2-4]</sup>等)的生产过程亦有发生,连作障碍现已成为制约中药材产业健康发展的因素之一。

连作障碍的成因主要是持续种植同一种作物时,会导致土壤 pH 值下降、有效养分降低及土壤物理性质变差,且土壤微生物群落结构失衡,加之根系分泌自毒物质抑制生长,最终造成作物产量降低、产品品质下降<sup>[5]</sup>。同一块耕地连作种植同一种作物会影响土壤细菌和真菌群落的组成和分布,使土壤微生物优势群落发生显著变化<sup>[6]</sup>,例如半夏连作使根际土壤微生物群落有益类群退化,有害类群丰富度增多<sup>[7]</sup>;三七连作情况下,根际土壤细菌种类减少,真菌种类增多,致使根际土壤微生物群落结构呈单一化趋势,且随着连作年限增加,单一化趋势越明显<sup>[8-10]</sup>。合理轮作使土壤养分更为平衡,改善土壤理化性质,土壤微生物区系更为丰富,从而减少了病害的发生<sup>[11-13]</sup>。目前,一些学者初步分析了党参连作对土壤酶活性、有机质及速效养分含量、党参根系养分吸收能力等方面的影响<sup>[14]</sup>,但在党参连作对根际土壤微生物群落结构及活性方面的影响还未见报道。为此,本研究通过 Biolog-Eco 技术分析党参连作与轮作栽培模式下,种植初期和种植后期根际土壤微生物群落功能多样性差异,为进一步的党参轮作病害消减机制研究及党参产业健康发展提供依据和基础。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验地点及试验设计

1.1.1 试验区域概况 试验地点位于甘肃省陇南市宕昌县理川镇拉沙村,东经 104°19',北纬 34°15',属温带大陆性气候。年均日照 2 100 h,年均气温 6.7℃,年均降水量 534.0 mm,年太阳辐射量 3 724.4 MJ/m<sup>2</sup>,无霜期 132 d。连作试验田块土壤有机质含量 12.47 g/kg,速效钾 169.86 mg/kg,速效磷 25.56 g/kg,硝态氮 30.18 mg/kg,铵态氮 18.01 mg/kg, pH 8.16;轮作试验田块土壤有机质含量 13.41 g/kg,速效钾 186.58 mg/kg,速效磷 29.79 g/kg,硝态氮 36.48 mg/kg,铵态氮 18.10 mg/kg, pH 8.18。

1.1.2 试验设计与取样 试验采用单因素随机区组设计,设置连作与轮作 2 种栽培模式,连作年限为 1 年,轮作前茬作物为黄芪,每处理 3 次重复。试验小区长 5.5 m,宽 3.5 m,小区间距 40 cm。2019 年 3 月 21 日,选择健康且均匀一致的一年生党参苗移栽,株距 8 cm,行距 15 cm,试验过程中各小区田间管理措施参照党参高产栽培方案<sup>[15]</sup>实施。

于党参种植始期(3 月 21 日)、党参快速生长期(5 月 13 日)、党参根系生长旺盛期(7 月 5 日、8 月 27 日)及党参采收期(10 月 19 日)采用五点取样法在各小区选取长势一致的党参植株,采用抖根法采集党参植株的根际样品,置于低温样品保存箱,带回实验室 4℃冰箱保存备用。

### 1.2 测定项目及方法

对党参不同生长时期的根际样品进行根际土壤微生物种类及数量测定;对种植始期(3 月 21 日)党参连作(CQ)、轮作(RQ)及采收期(10 月 19 日)党参连作(CH)、轮作(RH)的根际样品测定根际土壤微生物碳源利用特征的变化。

**1.2.1 土壤混悬液制备** 将保存根际样品取出在 25 ℃ 活化 24 h 后,称取样品 10.00 g,放入装有 90 ml 无菌水的三角瓶中,总体积为 94.90 ml。置于恒温振荡机上振荡 20~30 min,振荡结束后静置 20~30 s,用移液枪吸取 10 ml 上清液,加入 90 ml 无菌水混匀,然后逐步稀释制成  $1 \times 10^{-2}$ 、 $1 \times 10^{-3}$ 、 $1 \times 10^{-4}$ 、 $1 \times 10^{-5}$ 、 $1 \times 10^{-6}$  混悬液<sup>[16]</sup>。

**1.2.2 土壤微生物数量测定** 采用稀释涂布平板计数法,进行土壤微生物数量测定。分别吸取 20  $\mu$ l  $1 \times 10^{-2}$ 、 $1 \times 10^{-3}$ 、 $1 \times 10^{-4}$  土壤混悬液涂布接种在马丁-孟加拉红琼脂培养基平板上,恒温培养箱 28 ℃ 倒置培养 5~7 d 进行真菌计数。分别吸取 20  $\mu$ l  $1 \times 10^{-4}$ 、 $1 \times 10^{-5}$ 、 $1 \times 10^{-6}$  土壤混悬液涂布接种在牛肉膏蛋白胨琼脂培养基平板上,恒温培养箱 37 ℃ 倒置培养 3~5 d 进行细菌计数。分别吸取 20  $\mu$ l  $1 \times 10^{-3}$ 、 $1 \times 10^{-4}$ 、 $1 \times 10^{-5}$  土壤混悬液涂布接种在改良高氏一号培养基平板上,恒温培养箱 28 ℃ 倒置培养 6~8 d 进行放线菌计数,每个稀释度重复 3 次。

**1.2.3 土样微生物群落功能多样性测定** 采用 Biolog-Eco 平板培养法测定土样微生物群落功能多样性。称取 1.00 g 活化后的根际样品放入 99 ml 无菌蒸馏水中,置于恒温振荡机振荡 20 min。振荡后,置于 4 ℃ 环境静置 30 min,吸取 150  $\mu$ l 上清液加至 Biolog-Eco 平板各孔,对照孔加入 150  $\mu$ l 无菌水,于 28 ℃ 培养 196 h,每隔 24 h 用 Tecan M200 PRO 多功能酶标仪(北京世贸远东科学仪器有限公司产品)在 590 nm 和 750 nm 下测定各孔的吸光度,每个处理重复 3 次。

以 590 nm 和 750 nm 两个波长下的差值作为所测反应孔、对照孔的吸光值进行计算<sup>[17]</sup>,得出党参根际土壤微生物群落对碳源的利用能力指标[平均颜色变化率(AWCD)]。再根据土壤微生物培养 96 h 后测定的吸光度数据计算土壤微生物群落物种分布丰富程度的综合指标[Shannon-wiener 多样性指数,  $(H')$ ]、土壤微生物对碳源基质的平均利用活性水平指标[Pielou 均匀度指数,  $(E)$ ]、微生物对碳源富集种类相对敏感程度指标[McIntosh 多样性指数,  $(U)$ ]<sup>[18]</sup>。上述指标的计算式如下<sup>[19-22]</sup>:

$$AWCD = \sum (C_i - R) / n \quad (1)$$

$$H' = 1 - \sum P_i \ln P_i \quad (2)$$

$$E = H' / \ln S \quad (3)$$

$$U = \sqrt{(\sum n_i^2)} \quad (4)$$

式中,  $C_i$  为所测反应孔的吸光值;  $R$  为对照孔的吸光值;  $n$  为微平板上碳源种类 ( $n=31$ );  $P_i$  为第  $i$  个非对照孔中的吸光值与所有非对照孔吸光值总和的比值;  $S$  为能够被土壤微生物利用的碳源总数,即统计吸光度差大于对照孔的孔数;  $n_i$  为第  $i$  孔的相对吸光度 ( $C_i - R$ )。

### 1.3 土壤微生物碳源利用主成分分析及土壤微生物群落功能多样性聚类分析

利用种植始期(3月21日)及收获期(10月19日)不同栽培模式下采集的根际样品,微生物培养 96 h 后得到的 31 种碳源颜色变化率进行主成分分析(PCA);以欧氏距离为指标<sup>[23]</sup>,进行党参连作、轮作始期和收获期土壤微生物群落功能多样性的聚类分析。

### 1.4 数据分析

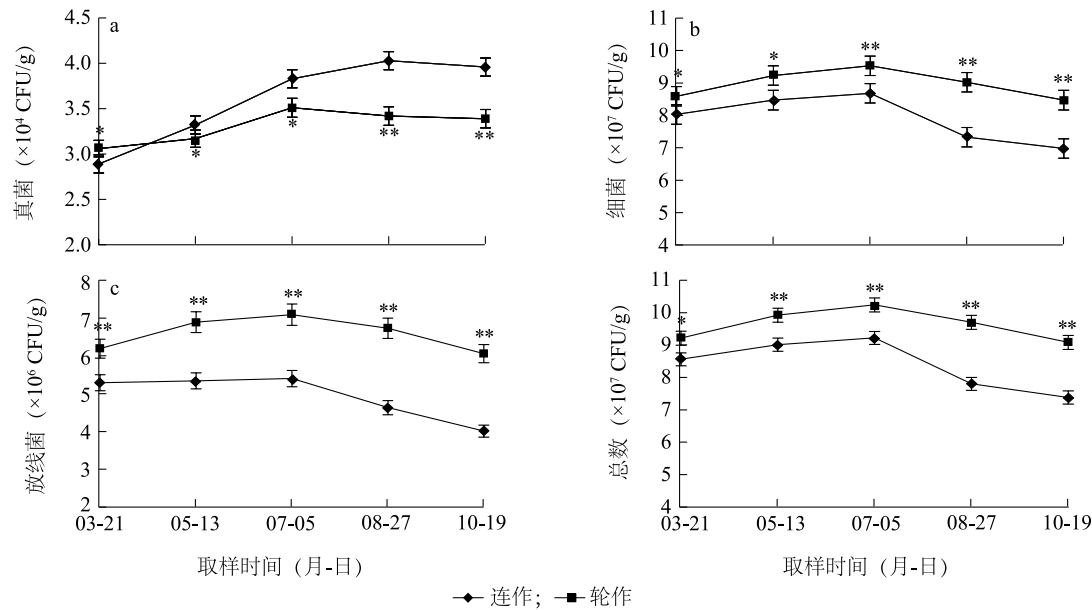
运用 Excel 2010 进行数据处理及绘图,利用 SPSS19.0 软件进行处理间差异显著性分析、主成分分析及聚类分析。

## 2 结果与分析

### 2.1 党参根际土壤微生物种类及数量

如图 1 所示,党参种植始期(3月21日)连作根际土壤真菌数量低于轮作,而在 5 月 13 日采样时,连作根际土壤真菌数量较同时期轮作增加 4.91%。党参生长前期(3月至7月)连作与轮作根际土壤真菌数量均呈增加趋势,但连作的增加量更明显。生长后期(8月至10月)连作和轮作的真菌数量总体都呈稳定的趋势,党参连作根际土壤真菌数量极显著高于轮作处理。随着党参的生长发育,党参连作和轮作根际土壤细菌数量均总体呈现先上升后下降趋势,且轮作根际土壤细菌数量显著高于连作处理。8月27日、10月19日采样时连作根际土壤细菌数量分别比同时期轮作降低 18.74%、17.59%。党参连作与轮作根际土壤放线菌数量亦呈先上升后下降的趋势,且轮作根际土壤放线菌数量极显著高于连作。同样,党参连作与轮作根际土壤微生物总数变化也表现为先上升后下降的趋势,8月27日采样时,党参连作根际土壤微生物总数较轮作降低 19.59%。10月19日采样时,党参连作与轮作根际土壤真菌、细菌、放线菌数量及微生物总数均有显著差异。综上分析,伴随着党参生长,党参连作根际土壤真菌数量较轮作有显著增加,最高时增加 17.86%。而党参连作根际土壤细菌、放线菌、微生

物总数数量均显著减少,分别最大减少 18.74%、 18.73%、19.59%。



\*、\*\* 分别表示两种栽培模式根际土壤微生物数量差异显著、极显著。

图 1 两种栽培模式党参根际土壤微生物种类及数量变化

Fig.1 Changes of microbial species and quantity in rhizosphere soil of *Codonopsis pilosula* under two cultivation modes

2.2 党参根际土壤微生物利用碳源动力学分析

如表 1 所示,随培养时间的增加,党参连作、轮作种植始期(CQ、RQ)与采收期(CH、RH)的根际土壤微生物 AWCD 呈逐渐增强的趋势,根际土壤微生物 AWCD 在24~72 h 期间均以指数形式快速扩增。120 h 后根际土壤微生物 AWCD 变化缓慢。培养 96 h 后,轮作始期的根际土壤微生物 AWCD 显著高于连作始期,轮作采收期的根际土壤微生物 AWCD 显著高于连作采收期,

且轮作始期的根际土壤微生物 AWCD 最高值较连作始期的最高值增高 7.62%,轮作采收期的党参根际土壤微生物 AWCD 最高值较连作采收期的最高值增高 4.90%。由此可见,党参轮作采收期的根际土壤微生物对底物碳源的总体利用能力最强,而党参连作均降低了种植始期、采收期根际土壤微生物总体活性,尤其党参连作采收期显著降低了根际土壤微生物代谢活力。

表 1 党参根际土壤微生物对碳源利用能力指标[平均颜色变化率(AWCD)]变化

Table 1 Change of carbon source utilization ability index (average well color development, AWCD) of microorganisms in rhizosphere soil of *C. pilosula*

处理	24 h	48 h	72 h	96 h	120 h	144 h	168 h	192 h
CQ	0.16±0.03a	0.59±0.06a	0.78±0.05b	0.95±0.09b	1.03±0.10b	1.05±0.09b	1.02±0.08c	0.99±0.08c
RQ	0.10±0.02b	0.55±0.04b	0.77±0.06b	1.00±0.11a	1.11±0.08a	1.13±0.11a	1.13±0.09a	1.11±0.06a
CH	0.10±0.03b	0.48±0.05c	0.71±0.03c	0.88±0.07c	0.95±0.09c	0.96±0.09c	0.97±0.10d	1.02±0.08c
RH	0.15±0.04a	0.55±0.02b	0.84±0.05a	0.99±0.08a	1.04±0.06b	1.06±0.08b	1.07±0.06b	1.06±0.09b

CQ:种植始期连作党参根际样品;RQ:种植始期轮作党参根际样品;CH:采收期连作党参根际样品;RH:采收期轮作党参根际样品。同列数据后不同小写字母表示处理间差异显著(P<0.05)。

2.3 党参根际土壤微生物不同碳源变化特征分析

党参连作始期(CQ)、采收期(CH)根际土壤微生物群落对氨基酸类、糖类、脂类、醇类、酸类和胺类碳源的利用程度分别与轮作始期(RQ)和采收期(RH)

均存在显著差异(表 2)。对于氨基酸类碳源而言,党参连作始期根际土壤微生物 AWCD 与轮作始期没有显著差异,但连作采收期较轮作采收期降低 9.20%。对于糖类碳源来说,连作始期根际土壤微生物 AWCD



较轮作始期降低 20.21%,且轮作采收期达到最大。对于酯类碳源来说,连作始期根际土壤微生物 *AWCD* 较轮作始期降低 26.96%,连作采收期根际土壤微生物对酯类碳源利用(*AWCD*)显著低于轮作采收期。对于醇类、胺类碳源来说,连作始期根际土壤微生物 *AWCD* 达到最大,且显著高于轮作始期。连作始期根际土壤微生物对胺类碳源利用(*AWCD*)较轮作始期高 27.40%,但连作采收期较轮作采收期降低 13.51%。对于酸类碳源来讲,轮作始期根际土壤微生物

*AWCD* 达到最大,连作始期根际土壤微生物 *AWCD* 较轮作始期降低 14.66%,但连作采收期根际土壤微生物对酸类碳源利用(*AWCD*)较轮作采收期高 13.83%。综合来说,党参连作、轮作始期根际土壤微生物均对氨基酸类碳源显现出倾向性,党参连作采收期根际土壤微生物倾向于利用酸类、酯类碳源;轮作始期根际土壤微生物对酸类碳源利用达到最大,采收期倾向于利用糖类、酯类碳源。

表 2 党参根际土壤微生物不同碳源变化特征

Table 2 Changes of different carbon sources of *C. pilosula* soil microorganisms

处理	氨基酸类	糖类	酯类	醇类	胺类	酸类
CQ	1.05±0.05a	0.75±0.04d	0.84±0.08d	1.67±0.08a	0.93±0.09a	0.99±0.07c
RQ	0.96±0.03ab	0.94±0.06b	1.15±0.04b	0.87±0.05b	0.73±0.08b	1.16±0.06a
CH	0.79±0.02c	0.85±0.05c	0.93±0.08c	0.80±0.06bc	0.64±0.07c	1.07±0.03b
RH	0.87±0.02b	1.11±0.07a	1.37±0.09a	0.80±0.04bc	0.74±0.05b	0.94±0.09cd

CQ、RQ、CH、RH 见表 1 注。同列数据后不同小写字母表示处理间差异显著( $P<0.05$ )。

## 2.4 党参根际土壤微生物多样性指数比较分析

如表 3 所示,党参连作始期(CQ)、采收期(CH)与轮作始期(RQ)、采收期(RH)根际土壤微生物的 Shannon-wiener 指数无显著差异。党参连作始期与采收期根际土壤微生物的均匀度指数均显著低于轮作始期、采收期。党参连作始期根际土壤微生物的 McIntosh 指数与轮作始期无显著性差异,但连作采收期根际土壤微生物的 McIntosh 指数显著低于轮作采收期。综上所述,结合 Shannon-wiener 指数、均匀度指数及 McIntosh 指数结果分析,党参连作始期根际土壤微生物对碳源基质的平均利用活性显著低于轮作始期;连作采收期较轮作采收期显著降低了根际土壤微生物数量、富集程度及对碳源利用能力。

表 3 党参根际土壤微生物多样性指数

Table 3 Index of microbial diversity in rhizosphere soil of *C. pilosula*

处理	Shannon-wiener 指数	Pielou 指数	McIntosh 指数
CQ	3.25±0.08a	23.67±0.98b	6.03±0.14a
RQ	3.26±0.09a	26.33±0.72a	6.30±0.13a
CH	3.22±0.09ab	23.00±0.94b	5.67±0.10b
RH	3.26±0.06a	25.33±0.27a	6.21±0.08a

CQ、RQ、CH、RH 见表 1 注。同列数据后不同小写字母表示处理间差异显著( $P<0.05$ )。

## 2.5 党参根际土壤微生物碳源利用主成分分析

根际土壤微生物对 31 种碳源利用情况共提取

两个主成分(PC1、PC2),总解释度达 85.03%,PC1、PC2 的解释度分别为 50.67%和 34.36%(表 4)。有 17 种碳源与 PC1 呈正相关,其中 *L*-苏氨酸、 $\beta$ -甲基-D-葡萄糖苷、吐温 40、*D*-半乳糖酸- $\gamma$ -内酯、2-羟苯甲酸与 PC1 相关系数达到 0.7 以上。有 21 种碳源与 PC2 呈正相关,其中 *L*-精氨酸、*L*-丝氨酸、*D*-纤维二糖、*D*-苹果酸等碳源与 PC2 相关系数达到 0.6 以上。通过相关系数及各碳源利用情况对比分析推测 PC1 可能代表党参连作、轮作始期与采收期根际土壤微生物对碳源利用差异因素,PC2 可能代表党参连作、轮作始期与采收期根际土壤微生物对碳源利用相似性。

## 2.6 党参根际土壤微生物功能多样性聚类分析

聚类分析结果表明,连作始期(CQ)与轮作始期(RQ)的欧氏距离为 1,轮作采收期(RH)与连作始期、轮作始期的欧氏距离为 5,同归为一类(A类);而连作采收期与上述 3 个处理的欧氏距离为 25,单独列为一类(B类)。其中 A 类氨基酸类、糖类平均利用率分别达到 0.96、0.89,醇类、酯类利用率均超过 1.12,胺类、酸类的平均利用率分别达到 0.80、1.16;B 类主要表现为氨基酸利用率为 0.79,糖类利用率为 0.85,醇类利用率为 0.78,酯类利用率为 0.93,胺类利用率为 0.64,酸类利用率为 1.07。B 类较 A 类氨基酸类、糖类利用率分别降低 17.09%、

4.07%、醇类、酯类、胺类、酸类利用率分别降低28.73%、17.03%、19.47%、8.08%。

表4 31种碳源与2个主成分间的相关系数

Table 4 Correlation coefficients between 31 carbon sources and two principal components

碳源种类	碳源名称	第1主成分 (PC1)	第2主成分 (PC2)
氨基酸类	<i>L</i> -精氨酸	0.118	0.816
	<i>L</i> -天冬酰胺酸	0.653	0.399
	<i>L</i> -苯基丙氨酸	0.475	0.251
	<i>L</i> -丝氨酸	-0.500	0.690
	<i>L</i> -苏氨酸	0.876	-0.072
	甘氨酸- <i>L</i> -谷氨酸	-0.248	0.089
单糖糖苷聚合糖类	<i>D</i> -木糖	0.608	0.274
	$\alpha$ - <i>D</i> -乳糖	-0.999	-0.011
	$\beta$ -甲基- <i>D</i> -葡萄糖苷	0.972	0.079
	葡萄糖-1-磷酸盐	0.688	-0.062
	$\alpha$ -环状糊精	0.079	-0.269
	肝糖	-0.646	0.588
	<i>D</i> -纤维二糖	0.493	0.865
	丙酮酸甲酯	0.561	0.335
酯类	吐温 40	0.929	0.241
	吐温 80	0.408	0.217
	<i>D</i> -半乳糖酸- $\gamma$ -内酯	0.778	0.192
	<i>I</i> -赤藻糖醇	-0.106	-0.378
醇类	<i>D</i> -甘露醇	-0.032	0.078
	<i>D, L</i> - $\alpha$ -甘油	-0.143	-0.140
	苯乙基胺	0.207	-0.328
胺类	腐胺	-0.183	0.257
	<i>N</i> -乙酰基- <i>D</i> -葡萄糖胺	0.611	-0.045
	<i>D</i> -半乳糖醛酸	-0.250	0.307
酸类	<i>D</i> -氨基葡萄糖酸	-0.683	0.553
	2-羟基苯甲酸	0.923	-0.021
	4-羟基苯甲酸	0.607	0.239
	$\gamma$ -羟基丁酸	-0.769	0.012
	衣康酸	-0.510	0.414
	$\alpha$ -丁酮酸	-0.206	-0.569
	<i>D</i> -苹果酸	-0.614	0.680

### 3 结论与讨论

作物连作后由于根系有害分泌物的积累、土壤

有害微生物的增加,常常会导致作物死苗率的增大<sup>[24-26]</sup>。因此,如何优化栽培措施、改良土壤养分、筛选适宜外源物质来缓解作物连作障碍已成为设施农业及名贵中药材种植的热点问题。通常认为轮作是克服连作障碍有效措施之一。郝晓芬等<sup>[27]</sup>研究结果表明轮作能维持健康的土壤微生物生态体系,使根际土壤微生物丰度增加,有益菌数量增多。本试验结果表明虽然党参连作与轮作根际土壤真菌、细菌、放线菌及微生物总数都随党参生长呈现先升后降的趋势,但党参连作根际土壤真菌数量最高达到 $4.03 \times 10^4$  CFU/g,是轮作的1.18倍,同时期党参轮作根际土壤细菌数量为 $9.02 \times 10^7$  CFU/g,是连作的1.23倍。说明党参连作根际土壤真菌数量显著增多,细菌数量显著减少,微生物群落结构由细菌型向真菌型转变,从而导致微生物群落结构失衡,间接导致病害发生的风险增加。同时期党参轮作根际土壤放线菌数量为 $6.73 \times 10^6$  CFU/g,是连作的1.45倍;微生物总数为 $9.7 \times 10^7$  CFU/g,是连作的1.24倍。与连作相比,轮作可显著增加细菌、微生物总数数量,降低根际土壤真菌数量,保持微生物群落结构平衡,增加微生物群落丰富度,有利于党参生长发育,这与李冰圳<sup>[28]</sup>研究结果一致。

土壤微生物可参与土壤有机质分解、腐殖质形成,是土壤生态系统稳定及持续健康发展的保证<sup>[29-30]</sup>。连作会导致土壤微生物活性下降,养分消耗单一,进而影响作物对养分的吸收利用<sup>[31-32]</sup>。李戌清等<sup>[33]</sup>研究结果表明轮作倒茬能提高土壤微生物群落多样性指数,增强土壤酶活性,加速土壤中养分转化,更有利于保持或提高土壤肥力和土地生产力。本试验通过对比分析党参连作、轮作始期与采收期根际土壤微生物多样性指数及碳源代谢等指标,结果表明党参轮作始期根际土壤微生物 AWCD 最高值较连作始期增高了7.62%,党参轮作采收期根际土壤微生物 AWCD 最高值较连作采收期增高了4.90%,且连作根际土壤微生物群落 Shannon-wiener 指数、均匀度指数及 McIntosh 指数都不同程度降低,这与前人在连作黄瓜<sup>[34]</sup>、大豆<sup>[35]</sup>、马铃薯<sup>[36]</sup>等作物上的研究结果相一致。党参连作始期和采收期根际土壤微生物总数量、富集程度以及对31种碳源基质平均活性均低于轮作始期与采收期,尤其是党参连作采收期根际土壤微生物丰富度降低,分布均匀度差,碳源利用多样性范围缩小,进而

表现为连作后期养分利用情况较差,难以供给党参生长发育所需养分,导致连作效应明显。相较于连作而言,轮作可显著提高微生物活性及碳源代谢能力,根际土壤微生物数量丰富且较集中,对碳源利用能力较强,进而促进养分循环利用,提供党参正常生长发育所需养分。此外,本试验发现党参连作始期根际土壤微生物倾向于利用氨基酸类、醇类、胺类化合物,但连作采收期根际土壤微生物对 3 类化合物利用程度均下降,对酸类化合物利用增强;轮作始期根际土壤微生物倾向于利用氨基酸类、酸类化合物,轮作采收期根际土壤微生物倾向于利用糖类与酯类化合物。可在党参种植期间根据根际土壤微生物对碳源利用的倾向性添加适宜碳源,增强微生物碳源代谢能力,提高土壤微生物活性,加快土壤养分转化。

土壤微生物凭借高丰度、代谢多样性在土壤碳元素的循环中发挥重要作用,参与碳循环的多个环节,影响植物生长。万平等<sup>[37]</sup>研究发现海棠、月季等植物根际土壤微生物对糖类、羧酸类和氨基酸类有较高的代谢活性。本研究主成分分析结果显示党参连作与轮作种植始期、采收期根际土壤微生物对 *L*-苏氨酸、 $\beta$ -甲基-*D*-葡萄糖苷、吐温 40、*D*-半乳糖酸- $\gamma$ -内酯、2-羟苯甲酸等碳源利用程度差异显著,这些碳源为有机酸或糖的衍生物,是党参连作与轮作土壤微生物群落功能产生差异的关键原因之一。结合前人研究结果分析,造成该现象的原因可能是由于党参连作期间根际分泌物累积,同时连作造成土壤微生物的适应性改变,出现微生物类群集中或分散的现象,进而导致连作与轮作党参根际土壤微生物对碳源利用出现不同程度的差异。但连作障碍与根际土壤微生物环境变化的关系复杂多样,后期可进一步探讨党参连作年限增加对土壤根际微生物群落富集变化的影响,从多层面、多角度阐明根际土壤微生物多样性与连作障碍之间的关系。

## 参考文献:

- [1] 国家药典委员会. 中华人民共和国药典(一部)[M]. 北京:中国医药科技出版社, 2020:281-282.
- [2] 张重义,尹文佳,李娟,等. 地黄连作的生理生态特性[J]. 植物生态学报, 2010, 34(5):547-554.
- [3] 张欢强,慕小倩,梁宗锁,等. 附子连作障碍效应初步研究[J]. 西北植物学报, 2007, 27(10):2112-2115.
- [4] 陈慧,杨志玲,袁志林,等. 白术连作根际土壤的理化性质及微生物区系变化[J]. 植物资源与环境学报, 2014, 23(1):24-29.
- [5] 凡续晨,刘强,徐钰惟,等. 中药材连作障碍研究进展[J]. 四川农业科技, 2021(11):28-30.
- [6] YANG P, LUO Y, GAO Y, et al. Soil properties, bacterial and fungal community compositions and the key factors after 5-year continuous monocropping of three minor crops.[J]. PLoS One, 2020, 15(8):e0237164.
- [7] 刘诗蓉,王红兰,孙辉,等. 半夏连作对根际土壤微生物群落的影响研究[J]. 中草药, 2022, 53(4):1148-1155.
- [8] 保丽美,丁亚芳,魏云林,等. 三七连作与休闲土壤真菌群落组成与多样性分析[J]. 中药材, 2021, 44(1):7-12.
- [9] 李润根,曾慧兰,曾建梅. 基于高通量测序的连作百合土壤细菌群落多样性研究[J]. 宜春学院学报, 2021, 43(3):85-91.
- [10] 葛晓颖,孙志刚,李涛,等. 设施番茄连作障碍与土壤芽孢杆菌和假单胞菌及微生物群落的关系分析[J]. 农业环境科学学报, 2016, 35(3):514-523.
- [11] 吴艳飞,张雪艳,李元,等. 轮作对黄瓜连作土壤环境和产量的影响[J]. 园艺学报, 2008, 35(3):357-362.
- [12] 杨祥田,周翠,李建辉,等. 不同轮作方式下大棚草莓产量及土壤生物学特性[J]. 中国生态农业学报, 2010, 18(2):312-315.
- [13] 于高波,吴凤芝,周新刚. 小麦、毛茛子与黄瓜轮作对土壤微生态环境及产量的影响[J]. 土壤学报, 2011, 48(1):175-184.
- [14] 邱黛玉,杜毛笑,巫蓉,等. 连作障碍对党参根际土壤微环境的影响[J]. 中国野生植物资源, 2022, 41(5):12-17.
- [15] 张艳如. 党参高产优质栽培技术探讨[J]. 种子科技, 2021, 39(7):41-42.
- [16] RUTGERS M, WOUTERSE M, DROST S M, et al. Monitoring soil bacteria with community-level physiological profiles using Biolog ECO-Plates in the Netherlands and Europe[J]. Applied Soil Ecology, 2016, 97(1):23-35.
- [17] STEFANOWICZ A M, KAPUSTA P, STANEK M, et al. Invasive plant Reynoutria japonica produces large amounts of phenolic compounds and reduces the biomass but not activity of soil microbial communities[J]. Science of the Total Environment, 2021, 767(5):145439.
- [18] 李明智,张宇,梅荣武,等. Biolog ECO 分析活性污泥微生物功能多样性特征[J]. 环境科学与技术, 2016, 39(6):55-58, 100.
- [19] ZAK J C, WILLING M R, MOORHERD D L, et al. Functional diversity of microbial communities: A quantitative approach[J]. Soil Biol Biochem, 1994, 26:1101-1108.
- [20] 席功瑛,胡洪营,钱易. Biolog 方法在环境微生物群落研究中的应用[J]. 微生物学报, 2003, 43(1):138-141.
- [21] 汤有宏,李红歌,李晓欢. 基于 Biolog ECO 技术对贮存过程中大曲微生物多样性变化规律的研究[J]. 酿酒, 2015, 42(1):75-78.
- [22] 江聪,简小枚,杜勇,等. 若尔盖高寒草地微地形的土壤微生物群落多样性特征[J]. 福州大学学报(自然科学版), 2018,

- 46(6):831-838.
- [23] 郭 靖.对 K-means 聚类算法欧氏距离加权系数的研究[J].网络安全技术与应用, 2016(10):74-75.
- [24] 王长义,郝振萍,陈丹艳,等.设施土壤连作障碍产生原因及防治方法综述[J].江苏农业科学, 2020, 48(8):1-6.
- [25] DONG L L, XU G, FENG G Q, et al. Soil bacterial and fungal community dynamics in relation to *Panax notoginseng* death rate in a continuous cropping system[J]. Scientific Reports, 2016, 6(1): 31802.
- [26] 白容霖,刘学敏,刘伟成.吉林省人参根腐病原真菌种类的研究[J].植物病理学报, 1999, 29(3):285.
- [27] 郝晓芬,王根全,郭二虎,等.连作、轮作对谷子根际细菌群落结构的影响[J].农业环境科学学报, 2022, 41(3):585-596.
- [28] 李冰圳.连作及轮作对蒙古黄芪根际微生物多样性及其品质的影响[D].呼和浩特:内蒙古大学. 2019.
- [29] HERMANS S M, BUCKLEY H L, CASE B S, et al. Using soil bacterial communities to predict physico-chemical variables and soil quality[J]. Microbiome, 2020, 8(1):79.
- [30] OKAZAKI K, TSURUMARU H, HASHIMOTO M, et al. Community analysis-based screening of plant growth-promoting bacteria for sugar beet [J]. Microbes and Environments, 2021, 36(2): ME20137.
- [31] BERG G, SMALLA K. Plant species and soil type cooperatively shape the structure and function of microbial communities in the rhizosphere[J]. FEMS Microbiology Ecology, 2009, 68(1): 1-13.
- [32] LU L H, YIN S X, LIU X, et al. Fungal networks in yield-invigorating and -debilitating soils induced by prolonged potato monoculture[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2013, 65:186-194.
- [33] 李戌清,张 雅,田忠玲,等.茄子连作与轮作土壤养分、酶活性及微生物群落结构差异分析[J].浙江大学学报(农业与生命科学版), 2017, 43(5):561-569.
- [34] 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.
- [35] 李春格,李晓鸣,王敬国.大豆连作对土体和根际微生物群落功能的影响[J].生态学报, 2006, 26(4):1144-1150.
- [36] 马 玲,马 琨,杨桂丽,等.马铃薯连作栽培对土壤微生物多样性的影响[J].中国生态农业学报, 2015, 23(5):589-596.
- [37] 万平平,刘胡楠,张文婕,等.不同园林植物根际土壤微生物群落代谢差异性研究[J].山东农业大学学报(自然科学版), 2022, 53(2):246-252.

(责任编辑:石春林)