

陈晓东, 耿中元, 夏瑾, 等. 基质增温对设施栽培草莓根际微生物群落结构的影响[J]. 江苏农业学报, 2026, 42(1): 162-171.
doi: 10.3969/j.issn.1000-4440.2026.01.017

基质增温对设施栽培草莓根际微生物群落结构的影响

陈晓东¹, 耿中元¹, 夏瑾¹, 贺香², 蔡伟建¹, 吴娥娇¹, 樊小雪³, 金晶³,
毛小娟³, 袁华招¹, 赵密珍¹, 任妮³, 宁传丽⁴, 乔玉山¹

(1.江苏省农业科学院果树研究所/江苏省高效园艺作物遗传改良重点实验室/江苏省现代草莓产业工程研究中心, 江苏 南京 210014; 2.南京市溧水区林特产技术推广站, 江苏 南京 211200; 3.江苏省农业科学院农业信息研究所/农业农村部长三角智慧农业技术重点实验室, 江苏 南京 210014; 4.烟台市农业技术推广中心, 山东 烟台 264001)

摘要: 本研究利用电热线加热使草莓栽培基质增温至 16 °C, 通过 16S rRNA 和 ITS 高通量测序技术, 系统分析了增温处理对草莓根际基质中微生物群落结构的影响。结果表明, 增温处理改变了草莓根际基质中微生物群落组成, 草莓根际基质中细菌群落的丰富度和多样性显著提高 ($P < 0.05$), 而真菌群落的多样性显著降低 ($P < 0.05$)。与未增温处理相比, 增温处理后草莓根际基质中细菌群落, 变形菌门 (Proteobacteria)、绿弯菌门 (Chloroflexi)、芽单胞菌门 (Gemmatimonadota) 以及链霉菌属 (*Streptomyces*)、慢生根瘤菌属 (*Bradyrhizobium*)、*Pseudolabrys*、苔藓杆菌属 (*Bryobacter*) 细菌的丰度显著升高 ($P < 0.05$); 真菌群落中, 子囊菌门 (Ascomycota) 以及木霉菌属 (*Trichoderma*)、白鬼伞属 (*Leucocoprinus*) 真菌的相对丰度显著提高 ($P < 0.05$)。值得注意的是, 增温处理后, 草莓根际基质中木霉菌属 (*Trichoderma*) 真菌的相对丰度显著提高了 1 298% ($P < 0.05$)。群落功能分析结果显示, 增温处理后, 草莓根际基质中富集于嘌呤代谢、氨甲酰 tRNA 合成、卟啉和叶绿素代谢、氮素代谢、细胞周期、核糖体途径中的细菌相对丰度增多, 病理营养型、腐生-共生营养型、病理-腐生营养型、病理-腐生-共生营养型、腐生营养型的真菌相对丰度减少, 这可能是因为木霉菌属 (*Trichoderma*) 真菌相对丰度的增加导致致病菌数量减少。综上, 基质增温通过增加链霉菌属和木霉菌属中植物促生菌的丰度, 优化草莓根际基质中微生物群落结构, 促进草莓产量提升。本研究结果为设施草莓栽培中的温度管理提供了理论依据。

关键词: 草莓; 基质栽培; 基质增温; 微生物; 木霉菌属; 链霉菌属

中图分类号: S668.4 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-4440(2026)01-0162-10

Effects of substrate warming on the rhizosphere microbial community structure of strawberries in protected cultivation

CHEN Xiaodong¹, GENG Zhongyuan¹, XIA Jin¹, HE Xiang², CAI Weijian¹, WU Ejiao¹, FAN Xiaoxue³,
JIN Jing³, MAO Xiaojuan³, YUAN Huazhao¹, ZHAO Mizhen¹, REN Ni³, NING Chuanli⁴, QIAO Yushan¹

(1. Institute of Pomology, Jiangsu Academy of Agricultural Sciences/Jiangsu Key Laboratory for Horticultural Crop Genetic Improvement/Jiangsu Province Engineering Research Center of Modern Strawberry Industry, Nanjing 210014, China; 2. Lishui District Forest Specialty Technology Promotion Station, Nanjing 211200, China; 3. Institute of Agricultural Information, Jiangsu Academy of Agricultural Sciences/Key Laboratory of Intelligent Agricultural Technology (Changjiang Delta), Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Nanjing 210014, China; 4. Yantai Agricultural Technology Extension Center, Yantai 264001, China)

收稿日期: 2024-11-22

基金项目: 江苏省农业科技自主创新基金项目 [CX(22)5007]; 南京市农业重大技术协同推广计划项目 [2024NJXTTG(08)]; 江苏省重点研发计划(现代农业)项目 (BE2023304)

作者简介: 陈晓东 (1988-), 男, 江苏宿迁人, 博士, 副研究员, 研究方向为草莓生长发育机理及草莓高效栽培技术。(E-mail) nwsuaf612@163.com

通讯作者: 乔玉山, (E-mail) qiaoyushan@njau.edu.cn

Abstract: This study used electric heating wires to

warm the strawberry cultivation substrate to 16 °C and systematically analyzed the effects of the heating treatment on the microbial community structure in the rhizospheric substrate of strawberries through 16S rRNA and ITS high-throughput sequencing technologies. The results showed that the heating treatment changed the microbial community composition in the rhizospheric substrate of strawberries. In the rhizospheric substrate of strawberries, the richness and diversity of bacterial communities significantly increased ($P < 0.05$), while the diversity of the fungal communities significantly decreased ($P < 0.05$). Compared with the non-heating treatment, the abundance of Proteobacteria, Chloroflexi, Gemmatimonadota, and *Streptomyces*, *Bradyrhizobium*, *Pseudolabrys*, and *Bryobacter* in the bacterial communities significantly increased ($P < 0.05$) after the heating treatment. In the fungal communities, the relative abundance of Ascomycota, *Trichoderma* and *Leucocoprinus* significantly increased ($P < 0.05$). Notably, the relative abundance of *Trichoderma* in the strawberry rhizospheric substrate significantly increased by 1 298% after the heating treatment ($P < 0.05$). Community function analysis showed that after the heating treatment, the relative abundance of bacteria in the rhizospheric substrate of strawberries enriched in purine metabolism, aminoacyl-tRNA biosynthesis, porphyrin and chlorophyll metabolism, nitrogen metabolism, cell cycle and ribosome pathways increased, while the relative abundance of fungi with pathotroph type, saprotroph-symbiotroph type, pathotroph-saprotroph type, pathotroph-saprotroph-symbiotroph type and saprotroph type decreased. This may be because the increase in the relative abundance of *Trichoderma* led to a decrease in the number of pathogenic bacteria. In summary, substrate heating optimizes the microbial community structure in the rhizospheric substrate of strawberries by increasing the abundance of plant growth-promoting bacteria such as *Streptomyces* and *Trichoderma*, thereby promoting strawberry yield improvement. This study provides a theoretical basis for temperature management in protected strawberry cultivation.

Key words: strawberry; substrate cultivation; substrate warming; microorganisms; *Trichoderma*; *Streptomyces*

草莓 (*Fragaria × ananassa* Duch.) 作为多年生宿根性草本果树, 具有生产周期短、收益高等特点, 且富含鞣花酸、花青素和维生素等营养成分^[1-2]。在设施栽培条件下, 冬春季的低温冷害胁迫是影响草莓生长发育的主要环境因子, 低温不仅会抑制植株地上部分的生长, 还会显著降低根系活力^[3]。由于草莓根系主要分布于深度 < 20 cm 的土层, 对土壤温度变化极为敏感, 而高架基质栽培模式中, 栽培槽悬空设置, 草莓根系更易遭受冷害胁迫^[3-4]。因此, 对栽培基质进行增温处理至关重要。

近年来, 多种基质增温技术在草莓栽培中得到应用。研究表明, 采用石墨烯加热技术对草莓根部进行增温处理, 可显著改善植株生长状态、提升果实品质、优化根冠比, 且成本较低^[3]。通过太阳能加热系统处理灌溉用水, 能显著提高草莓产量^[5]。此外, 利用电热线对基质进行加热, 当基质温度维持在 16 °C 时, 草莓产量和品质的综合表现最佳^[6]。

土壤微生物在植物生长发育过程中发挥着重要作用。目前, 微生物菌剂已在草莓生产中广泛应用。研究发现, 微生物菌剂与改良剂配合施用可显著提高草莓果实中可溶性固形物和维生素 C 含量^[7]; 同时, 微生物菌剂可有效防治草莓病害^[8-10]。然而土壤微生物群落结构易受环境因素影响, 其中温度是调控微生物群落的重要因子^[11]。

研究表明, 短期升温可提高放线菌丰度, 降低真菌丰度; 而持续升温则对细菌和真菌丰度均具有促进作用^[11-13]。

尽管前期研究结果已证实基质增温可提高草莓产量和品质, 但其作用机制尚不明确。为此, 本研究拟采用基于 16S rRNA 和 ITS 区域的微生物群落高通量测序技术, 系统分析高架基质栽培模式下基质增温处理对草莓根际微生物群落结构的影响, 以期提升设施栽培草莓的产量和品质提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

试验于 2022 年 9 月至 2023 年 3 月在江苏省农业科学院院本部试验基地进行。设施为 8 m 跨度单体塑料大棚, 供试品种为紫金久红草莓, 种苗由本课题组自主繁育。采用高架无纺布栽培槽, 栽培基质购自江苏兴农基质科技有限公司, 主要成分为草炭、蛭石和珍珠岩^[2,6]。

如图 1 所示, 采用电热线对基质进行加热, 草莓定植前将电热线埋设于基质 15 cm 深处, 温度设为 16 °C。采用水肥一体化膜下滴灌系统, 灌溉肥料为 N 含量 : P₂O₅ 含量 : K₂O 含量 = 21 : 21 : 21 (质量比) 的平衡型复合肥 (质量浓度 1.5 g/L), 灌溉水源为自来水。灌溉频率为每 7 d 1 次, 每次 5 min。

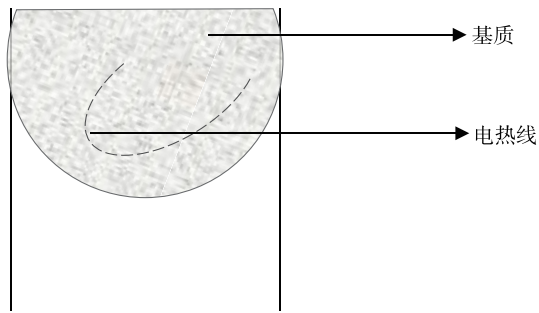


图1 电热线埋设示意图

Fig.1 Schematic diagram of buried electric heating wires

1.2 基质 DNA 提取与高通量测序

1.2.1 基质采集 于2023年3月(草莓生产季结束)分别采集未增温处理的草莓根际基质(CK2)和电热线持续增温处理的草莓根际基质(HF)。具体方法为:小心挖取完整植株,尽量保留根系,抖落松散基质后,使用毛刷收集根系附着基质。每种基质设4个重复,每个重复由同一采样点随机选取的5株草莓根际基质混合而成。同时采集未种植草莓的原始栽培基质(CK1)。

1.2.2 基质 DNA 提取与测序 利用DNA试剂盒(型号D3142,广州美基生物科技有限公司产品)提取基质DNA。细菌:扩增编码16S rRNA的基因序列的V3~V4区(引物341F:5'-CCTACGGGNGGCWGCAG-3';806R:5'-GGACTACHVGGGTATCTAAT-3')^[14]。真菌:扩增ITS2区(引物ITS3_KYO2:5'-GATGAAGAACGYAGYRAA-3';ITS4:5'-TCCTCCGCTTATTGATATGC-3')^[15]。扩增条件:95℃预变性5 min;95℃变性1 min,60℃退火1 min,72℃延伸1 min,30个循环;72℃终延伸7 min。

扩增体系(50 μL):5×Q5 Reaction Buffer 10.0 μL、5×Q5 High GC Enhancer 10.0 μL、2.5 mmol/L dNTPs 1.5 μL、上下游引物(10 μmol/L)各1.5 μL、Q5 High-Fidelity DNA Polymerase 0.2 μL、模板DNA 50 ng。PCR产物经AMPure XP核酸纯化试剂盒(Beckman Coulter公司产品)纯化后,使用Illumina DNA Prep(Illumina公司产品)构建文库。质量检验合格后,采用Illumina Novaseq 6000平台的PE250模式进行测序,测序由广州基迪奥生物科技有限公司完成。

1.3 数据分析与图片处理

对原始数据进行处理:剔除含未知碱基(N)≥10%的序列(Read),去除Phred质量评分≤20的碱基占比≥50%的序列,进一步过滤含接头的序列。对得

到的数据进行生物信息学分析:按照最小重叠长度10 bp、错配率不超过2%的条件将高质量序列(Clean read)进行拼接,生成标签序列(Tag)。去除低质量的标签序列,利用Usearch工具按照相似度≥97%的标准将高质量标签序列(Clean tag)聚类为操作分类单元(OTU)。基于R语言进行物种丰度统计、α多样性(Shannon指数等)分析和β多样性分析;利用Tax4Fun对细菌的代谢功能进行预测^[16],利用FUNGuild对真菌功能类群进行注释^[17];利用SPSS 21.0进行方差分析,利用Omicsmart在线平台(<http://www.omicsmart.com>)进行数据可视化作图。

2 结果与分析

2.1 草莓根际细菌与真菌微生物群落测序结果

如表1所示,细菌群落方面,在CK1基质和CK2、HF2处理草莓根际基质中,分别检测到487 105、488 205和488 095条高质量序列,对应389 955、392 142和392 652条高质量标签,其中有物种注释的标签分别为141 134、157 247和146 212条。真菌群落方面,CK1基质和CK2、HF2处理草莓根际基质中,分别检测到464 193、510 081和512 051条高质量序列,对应403 595、444 243和456 915条高质量标签,其中有物种注释的标签分别为384 237、426 962和443 551条。基于OTU数绘制稀释曲线,如图2所示,随着测序量的增加,各处理的稀释曲线均趋于饱和,表明当前测序深度已能充分反映样品中的微生物多样性。Shannon指数曲线呈先上升后稳定的趋势,进一步证实测序数据量能够满足细菌和真菌群落分析的要求。

2.2 草莓根际细菌、真菌群落丰富度和多样性指数

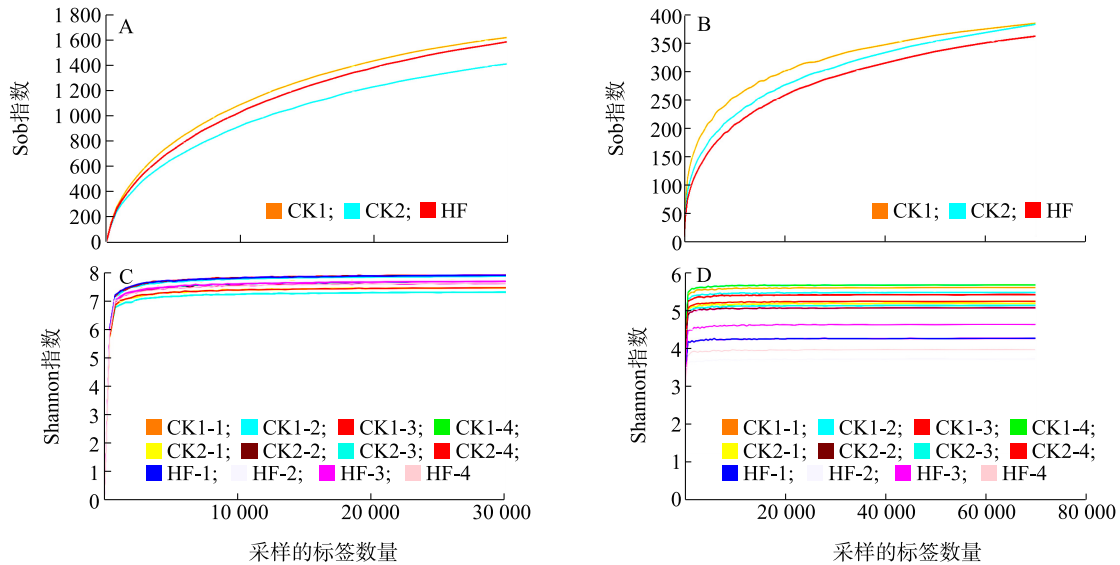
α多样性作为反映特定生态系统中物种丰富度和均匀度的综合指标,采用Chao1指数和Ace指数表征群落丰富度,Shannon指数和Simpson指数表征群落多样性^[2,18-19]。如表2所示,HF处理根际基质中细菌群落的Chao1指数、Ace指数、Shannon指数和Simpson指数显著高于CK2基质($P<0.05$),表明增温处理能够提高细菌群落丰富度和多样性。如表3所示,CK1基质和CK2、HF处理草莓根际基质中真菌群落的Chao1指数和Ace指数无显著差异($P>0.05$),但HF处理根际基质中真菌群落的Simpson指数和Shannon指数显著低于CK2基质,表明增温处理不影响真菌群落的丰富度,但会导致其多样性下降。

表 1 细菌和真菌群落测序结果

Table 1 Sequencing results of bacterial and fungal communities

处理	细菌			真菌		
	高质量序列	高质量标签	有物种注释的标签	高质量序列	高质量标签	有物种注释的标签
CK1	487 105	389 955	141 134	464 193	403 595	384 237
CK2	488 205	392 142	157 247	510 081	444 243	426 962
HF	488 095	392 652	146 212	512 051	456 915	443 551

CK1: 未种植草莓的原始栽培基质; CK2: 未增温处理的草莓根际基质; HF: 电热线持续增温处理的草莓根际基质。



A, C: 细菌群落; B, D: 真菌群落。CK1: 未种植草莓的原始栽培基质; CK2: 未增温处理的草莓根际基质; HF: 电热线持续增温处理的草莓根际基质。

图 2 细菌和真菌群落的 Sob 指数稀释曲线和 Shannon 指数稀释曲线

Fig. 2 Rarefaction curves of Sob index and Shannon index for bacterial and fungal communities

表 2 细菌群落丰富度指数和多样性指数

Table 2 Bacterial community richness index and diversity index

处理	丰富度指数		多样性指数	
	Chao1 指数	Ace 指数	Simpson 指数	Shannon 指数
CK1	1 789.134±62.652a	1 897.328±61.666a	0.985±0.001a	7.799±0.109a
CK2	1 661.020±66.340b	1 778.320±71.633b	0.981±0.002b	7.467±0.121b
HF	1 828.709±79.280a	1 953.920±86.465a	0.985±0.002a	7.737±0.123a

CK1: 未种植草莓的原始栽培基质; CK2: 未增温处理的草莓根际基质; HF: 电热线持续增温处理的草莓根际基质。同一列数据后不同小写字母表示差异显著 ($P < 0.05$)。

表 3 真菌群落丰富度指数和多样性指数

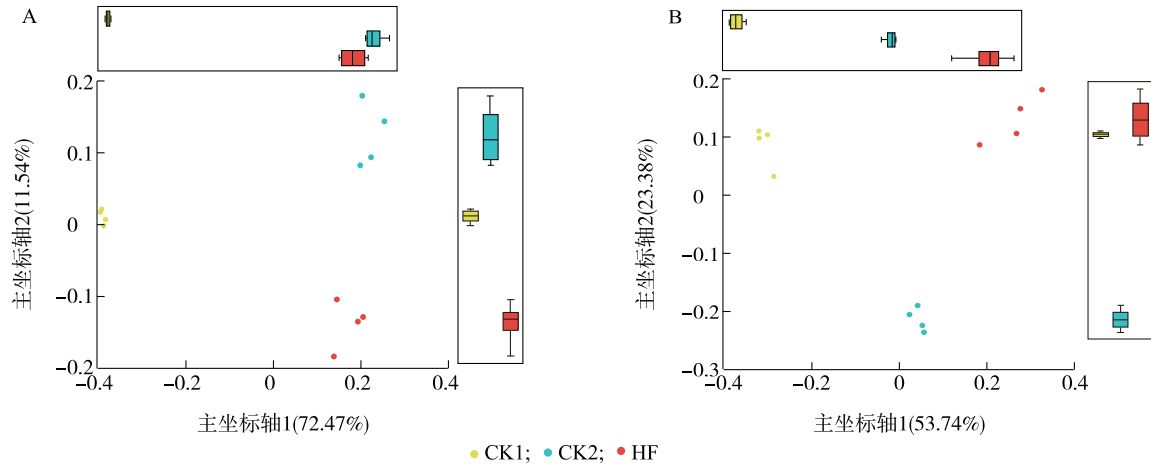
Table 3 Fungal community richness index and diversity index

处理	丰富度指数		多样性指数	
	Chao1 指数	Ace 指数	Simpson 指数	Shannon 指数
CK1	452.476±25.201a	452.341±25.133a	0.951±0.005a	5.529±0.116a
CK2	467.545±32.837a	475.568±32.936a	0.945±0.002a	5.148±0.073a
HF	457.008±65.205a	457.349±57.516a	0.850±0.047b	4.141±0.390b

CK1: 未种植草莓的原始栽培基质; CK2: 未增温处理的草莓根际基质; HF: 电热线持续增温处理的草莓根际基质。同一列数据后不同小写字母表示差异显著 ($P < 0.05$)。

2.3 草莓根际细菌、真菌群落的主坐标分析 (PCoA)

如图 3 所示,主坐标分析(PCoA)结果表明,细菌群落的前两个主成分 PC1 和 PC2 分别解释了 72.47% 和 11.54% 的变异。在 PC1 轴上,CK2 草莓根际基质、HF 处理草莓根际基质的数据点相近,表



A: 细菌群落; B: 真菌群落。CK1: 未种植草莓的原始栽培基质; CK2: 未增温处理的草莓根际基质; HF: 电热线持续增温处理的草莓根际基质。

图 3 细菌和真菌群落的主坐标分析 (PCoA)

Fig.3 Principal coordinate analysis (PCoA) of bacterial and fungal communities

2.4 草莓根际细菌、真菌门水平上的组成

如表 4 所示,门水平上,变形菌门(Proteobacteria)、放线菌门(Actinobacteriota)、酸杆菌门(Acidobacteriota)、脘骨菌门(Patescibacteria)、拟杆菌门(Bacteroidota)、浮霉菌门(Planctomycetota)、疣微菌门(Verrucomicrobiota)细菌的相对丰度较高。其中变形菌门(Proteobacteria)和放线菌门(Actinobacteriota)细菌为优势菌群。群落组成分析发现,与 CK1 基质相比,CK2 草莓根际基质中变形菌门(Proteobacteria)、拟杆菌门(Bacteroidota)、蛭弧菌门(Bdellovibrionota)、绿弯菌门(Chloroflexi)和装甲菌门(Armatimonadota)细菌的相对丰度均显著降低($P < 0.05$),放线菌门(Actinobacteriota)、酸杆菌门(Acidobacteriota)、芽单胞菌门(Gemmatimonadota)和腹杆菌门(Abditibacteriota)细菌的相对丰度显著升高($P < 0.05$)。与 CK2 草莓根际基质相比,HF 处理草莓根际基质中变形菌门(Proteobacteria)、绿弯菌门(Chloroflexi)和芽单胞菌门(Gemmatimonadota)细菌的相对丰度显著升高($P < 0.05$),装甲菌门(Armatimonadota)细菌的相对丰度均显著降低($P < 0.05$)。

如表 5 所示,门水平上,子囊菌门(Ascomycota)、担子菌门(Basidiomycota)、毛霉门(Mucoromycota)

明增温处理对细菌群落结构的影响较小。真菌群落的前两个主成分 PC1 和 PC2 分别解释了 53.74% 和 23.38% 的变异,在 PC1 轴上,CK2 草莓根际基质、HF 处理草莓根际基质的数据点距离较远,表明增温处理对真菌群落结构具有显著影响。

ta)、纤毛门(Ciliophora)、绿藻门(Chlorophyta)真菌的相对丰度较高。其中,子囊菌门(Ascomycota)真菌为优势菌群。群落组成分析发现,与 CK1 基质相比,CK2 草莓根际基质中子囊菌门(Ascomycota)、新丽鞭毛菌门(Neocallimastigomycota)真菌的相对丰度显著升高($P < 0.05$),毛霉门(Mucoromycota)、纤毛门(Ciliophora)、绿藻门(Chlorophyta)、壶菌门(Chytridiomycota)、罗兹菌门(Rozellomycota)真菌的相对丰度显著降低($P < 0.05$)。与 CK2 草莓根际基质相比,HF 处理草莓根际基质中子囊菌门(Ascomycota)真菌的相对丰度显著升高($P < 0.05$),担子菌门真菌的相对丰度显著降低($P < 0.05$)。

2.5 草莓根际细菌、真菌属水平上的组成

进一步分析属水平上细菌与真菌微生物群落组成的差异。如表 6 所示,卡氏伯克霍尔德菌属(*Burkholderia-Caballeronia-Paraburkholderia*)、丛生放线菌属(*Actinospica*)、链霉菌属(*Streptomyces*)、不黏柄菌属(*Asticcacaulis*)、不动杆菌属(*Acinetobacter*)、黏液杆菌属(*Mucilagibacter*)、马赛菌属(*Massilia*)细菌的相对丰度较高。群落组成分析发现,与 CK1 基质相比,CK2 草莓根际基质中卡氏伯克霍尔德菌属(*Burkholderia-Caballeronia-Paraburkholderia*)、丛生放线菌属

表 4 相对丰度前 20 的细菌(门水平)

Table 4 Top 20 bacteria at the phylum level by relative abundance

细菌	相对丰度(%)		
	CK1	CK2	HF
变形菌门(Proteobacteria)	44.892±1.321a	34.951±3.048c	40.164±1.152b
放线菌门(Actinobacteriota)	12.823±1.756b	22.624±1.473a	21.159±2.308a
酸杆菌门(Acidobacteriota)	6.048±0.414b	13.371±1.509a	12.358±0.371a
骸骨菌门(Patescibacteria)	8.467±0.644a	9.020±2.011a	6.987±1.171a
拟杆菌门(Bacteroidota)	11.322±1.010a	5.835±3.796b	4.579±0.413b
浮霉菌门(Planctomycetota)	6.077±0.712a	5.060±0.909ab	4.728±0.623b
疣微菌门(Verrucomicrobiota)	2.359±0.121b	3.038±1.261ab	3.663±0.620a
黏球菌门(Myxococcota)	0.880±0.052a	1.209±0.429a	0.893±0.138a
厚壁菌门(Firmicutes)	0.983±0.164a	0.944±0.180a	0.846±0.076a
蛭弧菌门(Bdellovibrionota)	2.303±0.257a	0.144±0.021b	0.182±0.028b
蓝绿藻门(Cyanobacteria)	0.693±0.221a	0.818±0.557a	0.727±0.458a
绿弯菌门(Chloroflexi)	0.538±0.066b	0.323±0.049c	0.673±0.064a
装甲菌门(Armatimonadota)	0.566±0.038a	0.182±0.022b	0.120±0.015c
芽单胞菌门(Gemmatimonadota)	0.064±0.034c	0.136±0.023b	0.210±0.042a
Dependentiae	0.037±0.022b	0.065±0.013ab	0.079±0.020a
腹杆菌门(Abditibacteriota)	0.011±0.005c	0.080±0.023a	0.046±0.009b
螺旋体门(Spirochaetota)	0.002±0.003b	0.031±0.005ab	0.064±0.056a
Elusimicrobiota	0.003±0.005a	0.013±0.010a	0.010±0.007a
广古菌门(Euryarchaeota)	0.001±0.003b	0.002±0.003ab	0.007±0.004a
硝基螺门(Nitrospirae)	0.001±0.002a	0.005±0.006a	0.003±0.005a
其他菌门	0.006±0.006a	0.012±0.011a	0.010±0.005a
未分类的细菌群落	1.924±0.091b	2.139±0.154b	2.493±0.213a

CK1: 未种植草莓的原始栽培基质; CK2: 未增温处理的草莓根际基质; HF: 电热线持续增温处理的草莓根际基质。同一行数据后不同小写字母表示差异显著($P < 0.05$)。

(*Actinospica*)、颗粒菌属(*Granulicella*)、慢生根瘤菌属(*Bradyrhizobium*)、*Terracidiphilus*、*Pseudolabrys*、酸球菌属(*Acidipila*)、苔藓杆菌属(*Bryobacter*)、*Haliangium* 细菌相对丰度显著升高($P < 0.05$), 而链霉菌属(*Streptomyces*)、不黏柄菌属(*Streptomyces*)、不动杆菌属(*Acinetobacter*)、黏液杆菌属(*Mucilagibacter*)、马赛菌属(*Massilia*)、鞘氨醇单胞菌属(*Haliangium*)和蛭弧菌属(*Bdellovibrionota*)细菌的相对丰度显著降低($P < 0.05$)。与 CK2 草莓根际基质相比, HF 处理草莓根际基质中链霉菌属(*Streptomyces*)、慢生根瘤菌属(*Bradyrhizobium*)、*Pseudolabrys* 及苔藓杆菌属(*Bryobacter*)细菌的相对丰度显著升高($P < 0.05$), 丛生放线菌属(*Actinospica*)、*Terracidiphilus*、酸球菌属(*Acidipila*)细菌的相对丰度显著降低($P < 0.05$)。

如表 7 所示, 木霉菌属(*Trichoderma*)、伞状霉菌属

(*Umbelopsis*)、假丝酵母菌属(*Candida*)、*Conlarium*、斜盖伞属(*Clitopilus*)、青霉菌属(*Penicillium*)、锥毛壳属(*Coniochaeta*)、*Papiliotrema* 真菌的相对丰度较高。群落组成分析发现, 与 CK1 基质相比, CK2 草莓根际基质中 *Conlarium*、青霉菌属(*Penicillium*)、*Papiliotrema*、篮状菌属(*Talaromyces*)、镰刀菌属(*Fusarium*)真菌的相对丰度显著升高($P < 0.05$), 而伞状霉菌属(*Umbelopsis*)、曲霉属(*Aspergillus*)、*Glycine*、四胞菌属(*Microtetraspora*)、汉逊酵母属(*Hansenula*)真菌的相对丰度显著降低($P < 0.05$)。与 CK2 草莓根际基质相比, HF 处理草莓根际基质中木霉菌属(*Trichoderma*)、白鬼伞属(*Leucocoprinus*)真菌的相对丰度显著升高($P < 0.05$), 假丝酵母菌属(*Candida*)、青霉菌属(*Penicillium*)、*Papiliotrema*、链格孢菌属(*Alternaria*)、篮状菌属(*Talaromyces*)真菌的相对丰度显著降低($P < 0.05$)。

表 5 相对丰度前 10 的真菌(门水平)

Table 5 Top 10 fungi at the phylum level by relative abundance

真菌	相对丰度(%)		
	CK1	CK2	HF
子囊菌门(Ascomycota)	49.998±4.349c	65.454±6.580b	78.257±4.276a
担子菌门(Basidiomycota)	14.072±7.328ab	17.921±6.858a	7.766±1.424b
毛霉门(Mucoromycota)	13.340±3.190a	8.940±0.848b	7.479±2.511b
纤毛门(Ciliophora)	7.816±2.700a	2.266±0.265b	1.918±0.455b
绿藻门(Chlorophyta)	2.254±0.959a	0.122±0.054b	0.060±0.034b
壶菌门(Chytridiomycota)	0.421±0.114a	0.079±0.027b	0.049±0.024b
丝孢菌门(Mortierellomycota)	0.035±0.024a	0.080±0.105a	0.007±0.003a
新丽鞭毛菌门(Neocallimastigomycota)	0b	0.060±0.020a	0.042±0.009a
罗兹菌门(Rozellomycota)	0.020±0.008a	0.003±0.004b	0.002±0.001b
Aphelidiomycota	0a	0a	0.001±0.001a
未分类的真菌	4.284±2.096a	2.297±0.175ab	1.900±0.564a

CK1:未种植草莓的原始栽培基质;CK2:未增温处理的草莓根际基质;HF:电热线持续增温处理的草莓根际基质。同一行数据后不同小写字母表示差异显著($P<0.05$)。

表 6 相对丰度前 20 的细菌(属水平)

Table 6 Top 20 bacteria at the genus level by relative abundance

细菌	相对丰度(%)		
	CK1	CK2	HF
卡氏伯克霍尔德菌属(<i>Burkholderia-Caballeronia-Paraburkholderia</i>)	2.773±0.141b	10.273±1.843a	10.392±1.346a
丛生放线菌属(<i>Actinospica</i>)	1.459±0.203c	8.957±0.404a	6.647±2.391b
链霉菌属(<i>Streptomyces</i>)	6.333±1.369a	2.158±0.607b	4.450±1.402a
不黏柄菌属(<i>Streptomyces</i>)	5.507±0.512a	1.104±0.177b	1.433±0.220b
不动杆菌属(<i>Acinetobacter</i>)	7.216±1.529a	0.132±0.044b	0.121±0.014b
黏液杆菌属(<i>Mucilaginibacter</i>)	4.124±0.995a	1.455±0.481b	1.417±0.146b
马赛菌属(<i>Massilia</i>)	5.235±1.020a	0.185±0.070b	0.371±0.261b
颗粒菌属(<i>Granulicella</i>)	0.493±0.026b	2.371±0.311a	2.651±0.786a
慢生根瘤菌属(<i>Bradyrhizobium</i>)	1.012±0.031c	1.381±0.245b	1.861±0.160a
<i>Terracidiphilus</i>	1.030±0.060b	1.325±0.199a	0.833±0.106b
鞘氨醇单胞菌属(<i>Haliangium</i>)	1.569±0.171a	0.467±0.263b	0.731±0.223b
<i>Pseudolabrys</i>	0.484±0.047c	0.895±0.150b	1.159±0.057a
酸球菌属(<i>Acidipila</i>)	0.585±0.049b	1.206±0.274a	0.736±0.095b
罗河杆菌属(<i>Rhodanobacter</i>)	0.394±0.047b	0.773±0.479ab	1.325±0.442a
<i>Dyella</i>	0.805±0.492a	0.849±0.692a	0.702±0.111a
类诺卡氏菌属(<i>Paenibacillus</i>)	0.871±0.179a	0.621±0.231a	0.790±0.050a
苔藓杆菌属(<i>Bryobacter</i>)	0.436±0.064c	0.731±0.052b	1.071±0.250a
寡养单胞菌属(<i>Stenotrophomonas</i>)	0.278±0.399a	1.889±3.666a	0.057±0.026a
<i>Haliangium</i>	0.319±0.034b	1.033±0.415a	0.629±0.134ab
蛭弧菌属(<i>Bdellovibronota</i>)	1.722±0.259a	0.097±0.021b	0.120±0.024b
其他菌属	18.644±0.804a	16.138±4.540a	14.975±1.158a
未分类的细菌	38.710±1.365b	45.958±5.859a	47.528±3.672a

CK1:未种植草莓的原始栽培基质;CK2:未增温处理的草莓根际基质;HF:电热线持续增温处理的草莓根际基质。同一行数据后不同小写字母表示差异显著($P<0.05$)。

表 7 相对丰度前 20 的真菌(属水平)

Table 7 Top 20 fungi at the genus level by relative abundance

真菌	相对丰度(%)		
	CK1	CK2	HF
木霉菌属(<i>Trichoderma</i>)	1.125±0.675b	2.438±0.932b	34.095±9.609a
伞状霉菌属(<i>Umbelopsis</i>)	12.604±3.055a	8.708±0.742b	7.343±2.439b
假丝酵母菌属(<i>Candida</i>)	9.961±1.040ab	10.982±3.545a	6.467±1.864b
<i>Conlarium</i>	4.587±0.837b	6.302±1.329a	5.240±0.775ab
斜盖伞属(<i>Clitopilus</i>)	6.185±6.889a	5.639±4.708a	2.235±0.540a
青霉菌属(<i>Penicillium</i>)	3.510±0.487b	6.831±1.544a	3.460±0.745b
锥毛壳属(<i>Coniochaeta</i>)	2.539±1.235a	3.103±0.459a	1.873±0.867a
<i>Papiliotrema</i>	0.090±0.069b	4.891±0.561a	0.164±0.006b
曲霉属(<i>Aspergillus</i>)	2.294±1.064a	0.427±0.107b	0.735±0.267b
白鬼伞属(<i>Leucocoprinus</i>)	0.141±0.058b	0.597±0.626b	2.695±1.735a
链格孢菌属(<i>Alternaria</i>)	1.733±0.294a	1.301±0.974a	0.168±0.090b
<i>Glycine</i>	2.244±1.004a	0.586±0.595b	0.227±0.082b
篮状菌属(<i>Talaromyces</i>)	0.682±0.090b	1.494±0.642a	0.707±0.243b
<i>Meliniomyces</i>	0.409±0.304a	2.080±3.111a	0.105±0.120a
铬孢菌属(<i>Alternaria</i>)	2.347±2.661a	0.043±0.016a	0.038±0.028a
镰刀菌属(<i>Fusarium</i>)	0.031±0.017b	0.970±0.474a	0.629±0.394a
树粉孢属(<i>Oidiodendron</i>)	0.499±0.222a	0.314±0.137ab	0.206±0.058b
四胞菌属(<i>Microtetraspora</i>)	0.930±0.881a	0.013±0.021b	0.012±0.016b
汉逊酵母属(<i>Hansenula</i>)	0.820±0.733a	0.011±0.016b	0.015±0.023b
<i>Cutaneotrichosporon</i>	0.211±0.031a	0.167±0.084a	0.241±0.181a
其他菌属	5.451±1.528a	3.756±0.817b	1.388±0.307c
未分类的真菌	36.174±7.932a	37.225±2.030a	29.695±4.382a

CK1: 未种植草莓的原始栽培基质; CK2: 未增温处理的草莓根际基质; HF: 电热线持续增温处理的草莓根际基质。同一行数据后不同小写字母表示差异显著 ($P < 0.05$)。

2.6 草莓根际细菌、真菌微生物群落功能

利用 Tax4Fun 软件对草莓根际基质中细菌的功能进行分析。如图 4 所示, CK1 基质中的细菌功能主要富集在二元组分系统、细菌分泌系统、精氨酸和脯氨酸代谢、氨基酸和核糖代谢、丙酮酸代谢、肽聚糖生物合成、淀粉和蔗糖代谢、细菌趋化、鞭毛组装、嘧啶代谢途径中; CK2 草莓根际基质中的细菌功能主要富集在 ABC 转运器, 甘氨酸、丝氨酸、苏氨酸代谢, 氧化磷酸化, 乙醛酸和二羧酸酯代谢途径中; HF 处理草莓根际基质中的细菌功能主要富集在 ABC 转运器, 甘氨酸、丝氨酸和苏氨酸代谢, 氧化磷酸化, 乙醛酸和二羧酸酯代谢, 嘌呤代谢, 氨甲酰 tRNA 合成, 卟啉和叶绿素代谢, 氮素代谢, 细胞周期, 核糖体途径中。

基于 FUNGuild 数据库对草莓根际基质中真菌

群落的功能进行分析。如图 5 所示, CK2 草莓根际基质中病理营养型、腐生-共生营养型、病理-腐生营养型和病理-腐生-共生营养型、腐生营养型真菌的相对丰度高于 HF 处理草莓根际基质。CK2 草莓根际基质中病理-共生营养型、共生营养型真菌的相对丰度低于 CK1 基质。

3 讨论与结论

3.1 微生物群落对基质增温的响应

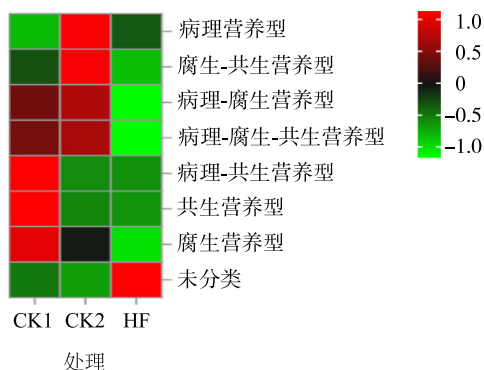
土壤微生物的 α 多样性指示微生物群落结构的多样性和丰富度^[20-25]。土壤微生物群落多样性越高, 土壤生态系统越稳定, 对外界环境变化的适应能力越强^[26-27]。本研究发现, 基质增温处理显著提高了草莓根际基质中细菌群落的多样性和丰富度,



CK1:未种植草莓的原始栽培基质;CK2:未增温处理的草莓根际基质;HF:电热线持续增温处理的草莓根际基质。

图4 细菌群落的功能

Fig.4 The functions of bacterial communities



CK1:未种植草莓的原始栽培基质;CK2:未增温处理的草莓根际基质;HF:电热线持续增温处理的草莓根际基质。

图5 真菌群落的功能

Fig.5 The functions of fungal communities

但降低了真菌群落的多样性和丰富度。已有研究结果表明,土壤温度升高会增加芽孢杆菌门、放线菌门及厚壁菌门细菌的相对丰度^[11,21]。而真菌对环境变化的适应能力较弱,温度升高会导致其群落丰度降低。本研究结果与前人研究结果一致。土壤温度变化可能通过改变土壤活性碳库含量影响微生物群

落结构。短期升温会促进微生物生命活动,加速土壤活性碳库的消耗,进而抑制微生物群落的扩增,最终适应高温的种群逐渐成为优势种群^[11,22]。

3.2 响应基质增温的微生物及其功能分析

在本研究中,与未增温处理相比,增温处理的草莓根际基质中链霉菌属(*Streptomyces*)、慢生根瘤菌属(*Bradyrhizobium*)、*Pseudolabrys*及苔藓杆菌属(*Bryobacter*)细菌的相对丰度显著提高($P < 0.05$)。链霉菌属细菌作为植物根际促生菌,在植物生长过程中具有固氮、溶磷、产铁载体及抗病等多种功能^[23]。研究表明,草莓内生链霉菌CINv1不仅能有效防治炭疽病,还具有产生吡啶乙酸、固氮及溶磷的能力,外源喷施CINv1可显著提高草莓叶片数量、株高及鲜重^[24]。Shen等^[25]从草莓定植土壤中分离得到链霉菌菌株B04,该菌株不仅能分泌降解真菌细胞壁的几丁质酶,防治草莓根腐病,还能促进植株生长发育,提高产量。

在真菌群落方面,木霉菌属真菌对增温处理的响应最为显著。木霉菌作为自然界广泛分布的丝状真菌,在促进植物生长和增强抗逆性方面具有重要作用。研究表明,外源施用木霉菌菌剂(T22、TH1及GV41)不仅能促进草莓植株生长、提高草莓产量,还能促进花青素等抗氧化物质的积累^[26]。Liu等^[27]研究发现,施用木霉菌菌剂CMT10可有效防治草莓根腐病,同时显著提高植株高度、根长及总鲜重等生长指标。

进一步分析微生物群落功能发现,增温处理后,富集于嘌呤代谢、氨基酰tRNA合成、卟啉和叶绿素代谢、氮素代谢、细胞周期、核糖体途径中的细菌相对丰度增多,病理营养型、腐生-共生营养型、病理-腐生营养型及病理-腐生-共生营养型、腐生营养型真菌相对丰度减少,这可能是因为木霉菌属(*Trichoderma*)真菌相对丰度的增加导致致病菌数量减少。本研究结果表明,基质增温处理显著提高了草莓根际基质中链霉菌属和木霉菌属中植物促生菌的相对丰度,有助于促进草莓产量提高。然而,其具体作用机制尚不明确,仍需要开展更深入的研究。

参考文献:

- [1] 王廷峰,赵密珍,关玲,等.江苏省不同区域草莓连作土壤养分及微生物区系分析[J].果树学报,2019,36(1):86-93.
- [2] 朱丽,王庆莲,唐山远,等.不同试剂处理对草莓植株生长及根际微生物群落结构的影响[J].江苏农业学报,2023,39(1):198-207.

- [3] 孙朋朋,王全智,李刚,等. 石墨烯膜不同加温方式对设施高架基质草莓生长结果的影响[J]. 中国南方果树,2023,52(2): 130-134.
- [4] 徐川,宋师琳,郑学军,等. 夜间根际温度对日光温室草莓生长结果的影响[J]. 中国果树,2015(4):41-44.
- [5] 岳焕芳,祝宁,胡潇怡,等. 加温灌溉对草莓生长、产量和品质的影响初探[J]. 蔬菜,2023(9):24-28.
- [6] 樊小雪,陈晓东,金晶,等. 基于根区温度和肥料浓度耦合的草莓生长调控[J]. 农业工程学报,2024,40(12):109-116.
- [7] 王丽丽,朱诗君,沈岚,等. 微生物菌剂结合改良剂对连作草莓品质和土壤环境的影响[J]. 中国农学通报,2023,39(23): 39-44.
- [8] 赵玳琳,陶刚,卯婷婷,等. 微生物制剂对草莓重要真菌病害的作用研究[J]. 中国生物防治学报,2019,35(3):456-462.
- [9] 张雪,张志宏,刘月学,等. 木霉菌剂提高‘红颜’草莓炭疽病抗性的效应[J]. 西北农业学报,2010,19(8):153-156.
- [10] SYLLA J, ALSANIUS B W, KRÜGER E, et al. Control of *Botrytis cinerea* in strawberries by biological control agents applied as single or combined treatments[J]. European Journal of Plant Pathology,2015,143(3):461-471.
- [11] 房蕊,于镇华,李彦生,等. 大气CO₂浓度和温度升高对农田土壤碳库及微生物群落结构的影响[J]. 中国农业科学,2021,54(17):3666-3679.
- [12] HAEI M, ROUSK J, ILSTEDT U, et al. Effects of soil frost on growth, composition and respiration of the soil microbial decomposer community[J]. Soil Biology and Biochemistry,2011,43(10): 2069-2077.
- [13] CHEN J, LUO Y Q, XIA J Y, et al. Stronger warming effects on microbial abundances in colder regions[J]. Scientific Reports, 2015,5:18032.
- [14] GUO M J, WU F H, HAO G G, et al. *Bacillus subtilis* improves immunity and disease resistance in rabbits[J]. Frontiers in Immunology,2017,8:354.
- [15] TOJU H, TANABE A S, YAMAMOTO S, et al. High-coverage ITS primers for the DNA-based identification of ascomycetes and basidiomycetes in environmental samples[J]. PLoS One,2012,7(7):e40863.
- [16] ASSHAUER K P, WEMHEUER B, DANIEL R, et al. Tax4Fun: predicting functional profiles from metagenomic 16S rRNA data[J]. Bioinformatics,2015,31(17):2882-2884.
- [17] NGUYEN N H, SONG Z W, BATES S T, et al. FUNGuild: an open annotation tool for parsing fungal community datasets by ecological guild[J]. Fungal Ecology,2016,20:241-248.
- [18] 郭勇智. 不同秸秆还田方式对土壤微生物多样性影响的研究[D]. 长春:吉林农业大学,2023.
- [19] 赵帆,赵密珍,王钰,等. 基于高通量测序研究草莓根际微生物群落结构和多样性[J]. 土壤,2019,51(1):51-60.
- [20] 李澳,匡志豪,田梦强,等. 不同哈茨木霉制剂对植烟土壤真菌群落结构及功能的影响[J]. 江苏农业科学,2024,52(22): 215-222.
- [21] 李萌,谢云霄,王凯,等. 基于高通量测序的云南雪茄烟叶微生物群落结构及功能分析[J]. 南方农业学报,2024,55(10):2957-2965.
- [22] 王文鹏,叶昌焕,黄振懿,等. 不同种植方式对土壤细菌群落结构及魔芋生长的影响[J]. 南方农业学报,2024,55(11):3255-3264.
- [23] 周丹,韦雪娇,李开阳,等. 紫苏轮作对半夏连作根际土壤微生物群落结构、功能及理化性质的影响[J]. 江苏农业科学, 2025,53(12):235-249.
- [24] 赵莎,李为萍,冯梁,等. 亏缺灌溉对河套灌区向日葵土壤微生物群落结构多样性的影响[J]. 排灌机械工程学报,2024, 42(1):71-78.
- [25] 曾宪楠,王晓慧,孙羽,等. 长期化肥减量配施秸秆对水稻土壤微生物多样性和功能的影响[J]. 江苏农业科学,2024,52(18):251-260.
- [26] 杨慧琴,向涌旗,吕倩,等. 3种混交林造林初期土壤真菌群落结构特征[J]. 生态学报,2024,44(8):3360-3371.
- [27] 郑昕雨,陈鹏,韩金吉,等. 冻融循环对土壤团聚体与微生物特性影响研究进展[J]. 江苏农业学报,2023,39(4):1080-1088.
- [28] XIONG J B, SUN H B, PENG F, et al. Characterizing changes in soil bacterial community structure in response to short-term warming[J]. FEMS Microbiology Ecology,2014,89(2):281-292.
- [29] HAYDEN H L, MELE P M, BOUGOURE D S, et al. Changes in the microbial community structure of bacteria, archaea and fungi in response to elevated CO₂ and warming in an Australian native grassland soil[J]. Environmental Microbiology,2012,14(12): 3081-3096.
- [30] 李岚岚,戴利铭,施玉萍,等. 生防链霉菌17-7生理生化功能研究[J]. 江苏农业科学,2024,53(1):169-175.
- [31] PUPAKDEEPAN W, TERMSUNG N, RUANGWONG O, et al. Plant growth promoting and colonization of endophytic *Streptomyces albus* CINv1 against strawberry anthracnose[J]. Horticulturae, 2023,9(7):766.
- [32] SHEN T, WANG C, YANG H, et al. Identification, solid-state fermentation and biocontrol effects of *Streptomyces hygroscopicus* B04 on strawberry root rot[J]. Applied Soil Ecology,2016,103: 36-43.
- [33] LOMBARDI N, CAIRA S, TROISE A D, et al. *Trichoderma* applications on strawberry plants modulate the physiological processes positively affecting fruit production and quality[J]. Frontiers In Microbiology,2020,11:1364.
- [34] LIU P, YANG R X, WANG Z H, et al. Biocontrol potential of *Trichoderma asperellum* CMT10 against strawberry root rot disease[J]. Horticulturae,2024,10(3):246.

(责任编辑:成纾寒)