

引用格式:

黄思菁, 肖金讯, 杨磊, 肖楚文, 宋潇瑜, 朱丹丹, 杨友才. 四种复种模式对烟草黑胫病发生及土壤细菌群落多样性的影响[J]. 湖南农业大学学报(自然科学版), 2025, 51(3): 9-15.

HUANG S J, XIAO J X, YANG L, XIAO C W, SONG X Y, ZHU D D, YANG Y C. The effects of four multiple cropping modes on the occurrence of tobacco black shank and bacterial community diversity in soil [J]. Journal of Hunan Agricultural University(Natural Sciences), 2025, 51(3): 9-15.

投稿网址: <http://xb.hunau.edu.cn>



## 四种复种模式对烟草黑胫病发生及土壤细菌群落多样性的影响

黄思菁<sup>1</sup>, 肖金讯<sup>2</sup>, 杨磊<sup>3</sup>, 肖楚文<sup>1</sup>, 宋潇瑜<sup>1</sup>, 朱丹丹<sup>1</sup>, 杨友才<sup>1\*</sup>

(1. 湖南农业大学农学院, 湖南 长沙 410128; 2. 湖南农业大学环境与生态学院, 湖南 长沙 410128; 3. 湖南中烟工业有限责任公司, 湖南 长沙 410014)

**摘要:** 本研究采用16S rRNA基因高通量测序, 比较分析4种复种模式(烤烟-大豆、烤烟-玉米、烤烟-水稻、烤烟-秋季休耕)下土壤细菌群落结构组成差异及其与烟草黑胫病发病率的关系。结果表明: 烤烟-大豆(D)、烤烟-玉米(Y)和烤烟-水稻(S)复种模式下烟草黑胫病发病率分别为59.35%、39.81%和27.17%, 均显著低于烤烟-秋季休耕(L)模式的(80.22%); L、D、Y、S复种模式的土壤细菌群落多样性依次增加; 变形菌门、绿弯菌门和酸杆菌门是烟田土壤细菌群落中的优势菌门, 朱氏杆菌属、罗河杆菌属、非培养酸杆菌和嗜酸杆菌属为共有优势属, 不同复种模式的的优势菌门和共有优势属相对丰度有差异; 相比于L模式, 其他3种复种模式下朱氏杆菌属、罗河杆菌属、酸热菌属的相对丰度下降明显; 候选物种土源菌属、厌氧绳菌属和嗜盐囊菌属的相对丰度有所上升; 朱氏杆菌属、罗河杆菌属、酸热菌属和厚皮杆菌属的丰度与黑胫病发病率呈显著正相关, 候选物种土源菌属、厌氧绳菌属和嗜盐囊菌属的丰度与黑胫病发病率呈显著负相关。与烤烟-秋季休耕模式相比, 另外3种复种轮作模式可以塑造有利于抵抗病害的土壤细菌群落结构, 从而减少烤烟黑胫病的发生。

**关键词:** 烤烟; 高通量测序; 细菌群落; 复种模式; 多样性分析

中图分类号: S435.72

文献标志码: A

文章编号: 1007-1032(2025)03-0009-07

## The effects of four multiple cropping modes on the occurrence of tobacco black shank and bacterial community diversity in soil

HUANG Sijing<sup>1</sup>, XIAO Jinxun<sup>2</sup>, YANG Lei<sup>3</sup>, XIAO Chuwen<sup>1</sup>, SONG Xiaoyu<sup>1</sup>, ZHU Dandan<sup>1</sup>, YANG Youcai<sup>1\*</sup>

(1. College of Agronomy, Hunan Agricultural University, Changsha, Hunan 410128, China; 2. College of Environment and Ecology, Hunan Agricultural University, Changsha, Hunan 410128, China; 3. Hunan Zhongyan Industry Co. Ltd., Changsha, Hunan 410014, China)

**Abstract:** In this study, 16S rRNA gene high-throughput sequencing was used to compare and analyze the differences in soil bacterial community structure and composition under 4 multiple cropping modes including flue-cured tobacco-soybean(D), flue-cured tobacco-maize(Y), flue-cured tobacco-rice(S) and flue-cured tobacco-autumn fallow(L), as well as the relationship between different multiple cropping modes and the incidence of tobacco black shank. The results showed that the incidence of tobacco black shank in modes D, Y and S were 59.35%, 39.81% and 27.71%,

收稿日期: 2024-11-16

修回日期: 2025-04-08

基金项目: 湖南中烟工业有限责任公司项目(KY2020JD0010、KY2023JD0001)

作者简介: 黄思菁(1999—), 男, 江西抚州人, 硕士研究生, 主要从事烟草栽培研究, 1721826569@qq.com; \*通信作者, 杨友才, 博士, 教授, 主要从事农业生态和作物栽培研究, 820132479@qq.com

respectively, which were significantly lower than that in mode L, which was 80.22%. The diversity of soil bacterial communities in modes L, D, Y and S increased gradually. The sequencing results showed that Proteobacteria, Chloroflexi and Acidobacteria were the dominant phyla in soil bacterial community of tobacco field, while *Chujaibacter*, *Rhodanobacte*, *uncultured\_Acidobacteria\_bacterium* and *Acidibacter* were the common dominant genera, and the abundance of dominant phyla and common dominant genera were different among different multiple cropping modes. Compared with the L mode, the relative abundance of *Chujaibacter*, *Rhodanobacter* and *Acidotherrmus* in other 3 modes decreased significantly while the relative abundance of *Candidatus\_Solibacte*, *Anaerolinea* and *Haliangium* were increased. The abundance of *Chujaibacte*, *Rhodanobacter*, *Acidotherrmus* and *Occallatibacte* were significantly positively correlated with the incidence of black shank disease, while the abundance of *Candidatus\_Solibacter*, *Anaerolinea* and *Haliangium* were significantly negatively correlated with the incidence of black shank disease. Compared with the flue-cured tobacco-autumn fallow continuous cropping mode, the other 3 multiple cropping rotation modes could alter the bacterial community structure which was conducive to disease resistance, thereby reducing the occurrence of black shank disease in flue-cured tobacco.

**Keywords:** flue-cured tobacco; high-throughput sequencing; bacterial community; multiple cropping mode; diversity analysis

烤烟(*Nicotiana tabacum* L.)为茄科烟草属植物,是湖南省重要的经济作物<sup>[1]</sup>。湖南是我国烟叶主产区之一,但是部分地区由于种植制度不合理,导致土壤理化性质恶化、土壤微生物群落结构失衡和化感自毒物质积累,最终形成烤烟连作障碍<sup>[2-4]</sup>。烤烟是典型的忌连作作物,连作障碍是阻碍烟草产业发展的限制性因素之一<sup>[5-7]</sup>。烤烟收获后复种不同的作物能够均衡地利用烟田土壤里的营养成分,有效地缓减烤烟连作障碍<sup>[8-9]</sup>。因此,探索适宜的复种模式成为烤烟栽培研究的重点问题。

微生物群落可影响土壤功能的发挥,从而影响作物的生长发育<sup>[10]</sup>。连作会引起土壤微生物多样性及组成发生变化,改变土壤微生物群落结构,破坏土壤微生物生态平衡<sup>[11]</sup>,致使土壤中滋生大量的土传病害及拮抗因子,从而导致烟田黑胫病等各种土传病害发病率升高。

本研究采用高通量测序技术,分析烤烟-大豆(D)、烤烟-水稻(S)、烤烟-玉米(Y)及烤烟-秋季休耕(L)等4种耕种模式下烟田土壤的细菌群落变化,以探索减轻烤烟连作障碍发生的有效复种模式。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料

供试烤烟品种为‘湘烟7号’。

### 1.2 方法

#### 1.2.1 烟田黑胫病调查

试验在湖南省浏阳市达浒镇金田村(113°54'20"E、28°26'45"N)开展,于2021年7月2日烤烟成熟期调查烤烟黑胫病发病率及病情指数,每个处理调查总面积为667 m<sup>2</sup>。参照GB/T 23222—2008《烟草病虫害分级及调查方法》中的黑胫病分级标准将烟株分为0级、1级、3级、5级、7级、9级,统计每个处理烤烟的黑胫病发病率及病情指数<sup>[12]</sup>。

#### 1.2.2 土壤样品的采集

试验设计4种烤烟复种模式:烤烟-大豆(D)复种、烤烟-水稻(S)复种、烤烟-玉米(Y)复种及烤烟-秋季休耕(L)。于上季轮作作物收获后(冬闲期)采集土壤样品,每种复种模式采集3份土壤样品(10~20 cm)。去除表层土壤,混合,用四分法分取部分样品,装入无菌聚乙烯封口袋内,低温保存。

### 1.3 基因间隔序列(16S rRNA)基因文库构建和高通量测序

以土壤总DNA为模板,对细菌16S rRNA基因的扩增区域16S rDNA的V4区(515a-806)进行PCR扩增,在Illumina Miseq PE300平台上进行高通量测序。利用Uparse软件对各处理样品中测序数据的有效序列(effective tags)进行去冗余、聚类,并生成OTU表格。使用make\_phylogeny.py计算样品的

Shannon 指数、Simpson 指数以及Chao1 指数，以表征细菌群落的 $\alpha$ 多样性<sup>[13]</sup>。

### 1.4 数据处理与分析

选择相对丰度前10的优势菌门和前20的优势菌属，采用Origin 2025进行绘图和聚类分析；使用主成分分析对样品细菌群落结构进行PCA分析；运用 Weighted Unifrac 对各组样本进行相似性 (ANOSIM) 分析以及距离热图(heat map)分析<sup>[14]</sup>；使用SPSS 22.0，采用单因素方差分析法进行显著性分析以及相关性分析。

## 2 结果与分析

### 2.1 不同复种模式下烟田烤烟黑胫病调查

从表1可以看出D、Y、S复种模式下烤烟黑胫病发病率分别为59.35%、39.81%和27.17%，均显著低于L模式的(80.22%)。从各级黑胫病发病率来看，D、Y、S模式下，病株大部分为较轻的1、3级，而在L模式下5、7和9级的发病率较高。从病情指数看，S模式下的烤烟黑胫病病情指数最低，仅为6.04。

表1 不同复种模式下烟田烤烟黑胫病发病情况

复种模式	各级发病率/%						发病率/%	病情指数
	0级	1级	3级	5级	7级	9级		
D	40.65	28.78	18.05	7.48	3.61	1.43	(59.35±4.94)b	(17.61±3.19)b
Y	60.19	13.77	11.20	7.56	5.13	2.15	(39.81±2.94)c	(15.06±2.01)b
S	72.83	17.97	5.54	2.93	0.73	0.00	(27.17±2.83)d	(6.04±0.82)c
L	19.78	22.22	13.82	17.89	15.12	11.17	(80.22±1.21)a	(39.94±0.64)a

注：同列不同小写字母表示处理间的差异有统计学意义( $P < 0.05$ )。

### 2.2 细菌16S rRNA测序数据统计及操作分类单元 (OTU) 分析

经过 Miseq 测序和质控后，4组土壤样品共得到956 208条优质序列。土壤样本稀释曲线(图1)基本趋于平缓，说明测序数量足够。按照97%的相似度进行OTU聚类，4组样品共测得7 476个土壤细菌 OTU，其中，D模式注释到50个门、567个属、4 227个OTU，Y模式注释到54个门、535个属、4 883个OTU，S模式注释到62个门、541个属、4 932个OTU，L模式注释到51个门、535个属、3 309个OTU。

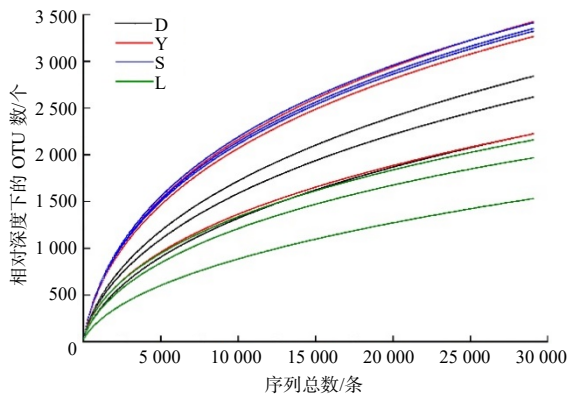


图1 各样本稀释曲线

Fig.1 Rarefaction curve of soil samples from different treatments

对4组样品土壤细菌群落的OTU进行分析，结果如图2所示。分别将这4组进行两两比较，发现D、Y模式共有3 058个OTU，D、S模式共有2 809个OTU，D、L模式共有2 413个OTU，Y、S模式共有 3 579个OTU，Y、L模式共有2 383个OTU，S、L模式共有2 233个OTU。D、Y、S、L模式特有的OTU数分别为560、590、881、421个。4种模式共有的OTU数为1 749个。

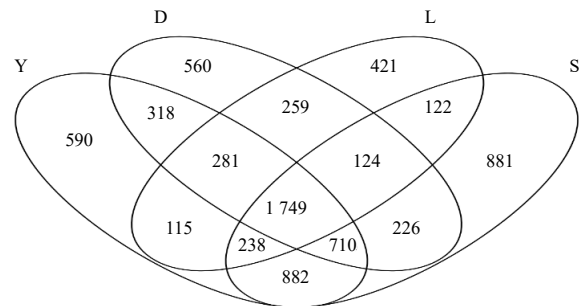


图2 不同复种模式土壤细菌组成Venn分析结果

Fig.2 Venn analysis for soil bacterial composition under different multiple cropping modes

S、Y、D、L模式的土壤中所含OTU数依次减少，说明S模式的细菌群落最丰富，L模式的细菌群落最少。Y、S模式共有的OTU数最多，说明Y、S

模式农田土壤细菌群落的一致性较高, 差异较小; D、Y、S模式与L模式共有的OTU数较少, 说明D、Y、S模式与L模式土壤细菌群落差异较大。S模式特有的OUT数量最多, 占总OTU数量的11.78%, 具有显著优势; L模式特有的OUT数量最少, 不具有优势。4种模式共有的OTU数量占总OTU数量的23.39%, 表明4种复种模式土壤类型有部分一致的细菌群落。

表2 不同复种模式下土壤细菌 $\alpha$ 多样性指数

复种模式	高质量序列数/条	物种数/种	OTU数/个	Shannon指数	Simpson指数	Chao1指数	覆盖率/%
D	222 773	459	4 227	8.427±0.647	0.988±0.006	4 138.441±375.510	96.1
Y	299 424	495	4 883	9.385±0.811	0.995±0.006	4 587.813±782.536	95.9
S	123 695	498	4 936	9.970±0.047	0.997±0.000	4 897.739±084.079	95.6
L	310 316	380	3 309	7.338±1.252	0.968±0.032	3 120.717±368.891	97.2

在属水平上, 对植烟土壤细菌组成进行主成分(PCA)分析。从图3可以看出, 4组样品组内分布距离较近, 说明样品组内细菌群落结构相似度较高; 而样本组间距离相对较远, 表明4组土壤样品组间细菌群落结构有明显差别。从PC1轴来看, S、Y模式主要分布在PC1的正半轴(Y2在负半轴), D、L模式主要分布在PC1的负半轴, 表明S模式与Y模式土壤细菌群落结构较为相似, 且这2个模式与L模式差异较大; D、L模式较为相似, 差异不明显。

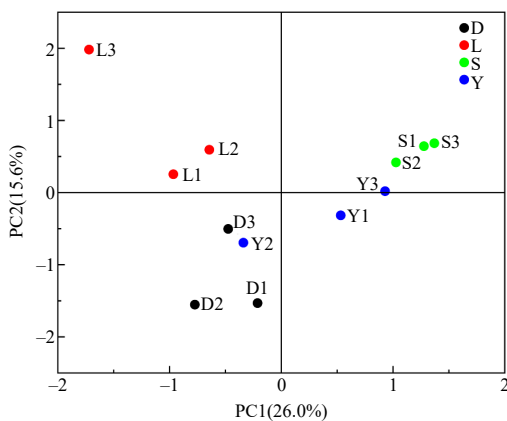


图3 细菌群落结构的PCA分析结果

Fig.3 PCA analysis result of bacterial community structure

在属分类单元水平上, ANOSIM( $R=0.615$  1,  $P<0.001$ )相似性分析结果(表3)表明, 4组样本的组间差异大于组内。4组样本距离热图(图4)显示, S、Y、D、L复种模式土壤细菌群落多样性之间均有差异, 且S、L模式之间差异最大。

## 2.3 土壤样品中细菌多样性指数分析

从表2可以看出, 本次16S rRNA测序土壤细菌的覆盖率都达到95%以上, 说明本次测序构建的文库数据合理, 能够反映出样品中绝大部分的细菌物种信息。D、Y、S模式中Chao1指数、Shannon指数和Simpson指数均高于L模式的, 表明烟后复种不同的作物可以提高土壤中细菌群落的丰富度、多样性和均匀度。

表3 不同复种模式土壤细菌物种ANOSIM分析结果

Table 3 ANOSIM analysis for bacterial species in soils with different multiple cropping modes

分组	R	P
D-L	0.555 6	0.108
Y-L	0.777 8	0.092
S-L	1.000 0	0.089
4组	0.615 1	<0.001

注:  $R>0$ 说明组间差异显著,  $P<0.05$ 表示差异显著。

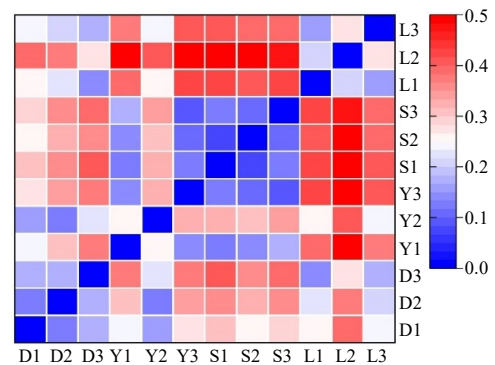


图4 不同复种模式土壤细菌物种的距离热图

Fig.4 Distance heat map for bacterial species in soils under different multiple cropping modes

## 2.4 细菌群落组成分析

在门分类水平上对不同复种模式下烟田土壤细菌进行群落组成分析, 结果(图5)表明, 4组土壤样品的细菌群落主要由10个门组成。其中, 最大占比超过10%的门有3个, Proteobacteria(变形菌门)、Chloroflexi(绿弯菌门)和Acidobacteriota(酸杆菌门)。

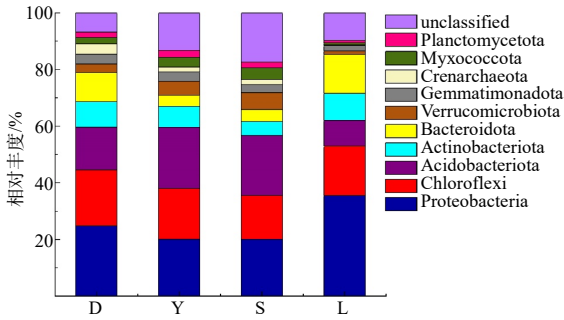


图5 不同复种模式土壤样本的细菌类群(门水平)

Fig.5 Bacterial groups at phylum level in soil samples with different multiple cropping modes

变形菌门是最主要的细菌类群，占整个细菌群落的20.02%~35.53%，其在L、D、Y、S模式的相对丰度依次降低；绿弯菌门占整个细菌群落的15.53%~19.68%，在S复种模式下相对丰度最低；酸杆菌门占整个细菌群落的9.06%~22.61%，在L、D、Y、S模

式中的相对丰度依次升高。

在属水平，4组土壤样品中细菌覆盖778属，各组土样中细菌群落组成与结构明显不同。丰度排名前20的物种中，D、Y、S、L模式中的烟田土壤中细菌分别有13、17、15、12个优势属，其相对丰度的总和均大于75%，D模式为78.61%、Y模式为76.82%、S模式为75.9%、L模式为79.6%。*Chujaibacter*(朱氏杆菌属)、*Rhodanobacter*(罗河杆菌属)、*uncultured\_Acidobacteria\_bacterium*(未培养酸杆菌)和*Acidibacter*(嗜酸杆菌属)为样本共有的优势属(表4)。L模式朱氏杆菌属的相对丰度最高，达13.58%，显著高于Y、S模式的；L模式中罗河杆菌属的相对丰度达3.07%，显著高于S的；Y模式中未培养酸杆菌与嗜酸杆菌属的相对丰度均为最高，S、D模式的其次，L模式的最低，各组间无显著差异。

表4 共有优势属种群的相对丰度

Table 4 Relative abundance of the common dominant populations

属名	相对丰度/%			
	D	Y	S	L
朱氏杆菌属( <i>Chujaibacter</i> )	7.19ab	1.44b	0.92b	13.58a
罗河杆菌属( <i>Rhodanobacter</i> )	2.40ab	0.91ab	0.64b	3.07a
未培养酸杆菌( <i>uncultured_Acidobacteria_bacterium</i> )	1.81	2.87	2.15	1.17
嗜酸杆菌属( <i>Acidibacter</i> )	1.08	1.38	1.08	0.86

注：同行不同小写字母表示组间的差异有统计学意义( $P < 0.05$ )。

以土壤细菌丰度排名前20的细菌以样本，在属水平上构建群落热图，结果(图6)显示，不同复种模

式间细菌物种的组成存在差异，与L模式相比，其他复种模式*Chujaibacter*(朱氏杆菌属)、*Rhodanobacter*

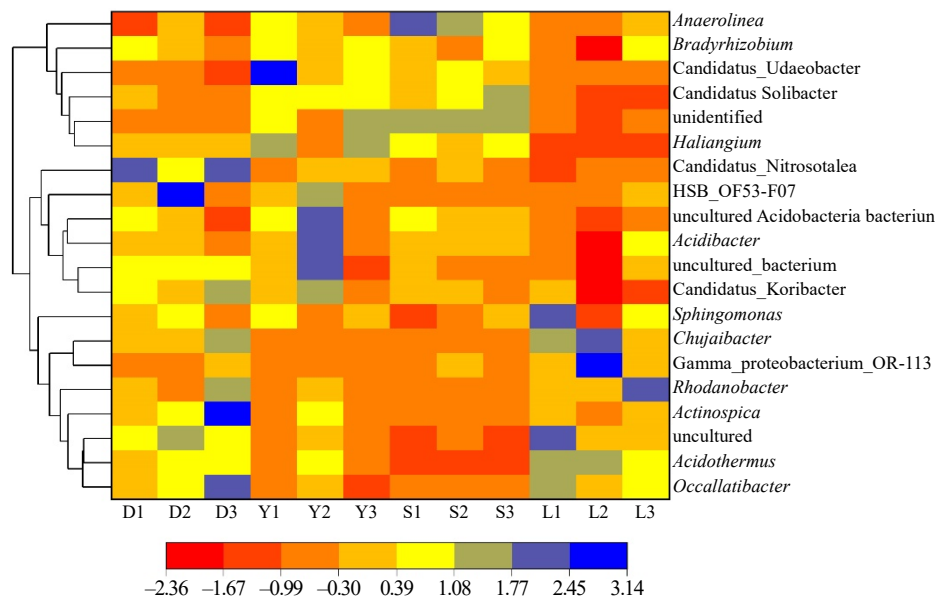


图6 不同复种模式土壤样本的细菌群落热图(属水平)

Fig.6 Heat map of bacterial communities at genus level in soil samples with different multiple cropping modes

(罗河杆菌属)、*Acidothermus*(酸热菌属)相对丰度有所下降; *Candidatus\_Solibacter*(候选物种土源菌属)、*Anaerolinea*(厌氧绳菌属)和*Haliangium*(嗜盐囊菌属)的相对丰度有所上升。其中, S模式的相对丰度变化最为明显, Y模式的其次。从物种聚类上看, 酸热菌属和厚皮杆菌聚类程度较高。

## 2.5 烟田黑胫发病率与烟田细菌丰度在属水平上的相关性

将4组处理的土壤细菌丰度排名前20的物种与烤烟黑胫病发病率进行Pearson相关性分析。结果(表5)显示, 有4个属的相对丰度与烤烟黑胫病发生率呈显著正相关, 分别为*Chujaibacter*(朱氏杆菌属)、*Rhodanobacter*(罗河杆菌属)、*Acidothermus*(酸热菌属)、*Occallatibacter*(厚皮杆菌属); *Candidatus\_Solibacter*(候选物种土源菌属)、*Anaerolinea*(厌氧绳菌属)和*Haliangium*(嗜盐囊菌属)的相对丰度与烤烟黑胫病发生率呈显著负相关。

表5 烤烟黑胫病发病率与冬闲期土壤细菌丰度在属水平上的相关性

Table 5 Correlation between the incidence of tobacco black shank and the abundances of bacteria at genus level in soil with winter fallow

属名	R	P
uncultured_bacterium	-0.123	0.702
<i>Chujaibacter</i>	0.743**	0.006
gamma_proteobacterium	-0.475	0.119
uncultured_Acidobacteria	-0.494	0.102
<i>Rhodanobacter</i>	0.705*	0.010
<i>Acidothermus</i>	0.853**	0.001
<i>Candidatus_Nitrosotalea</i>	-0.073	0.823
<i>Acidibacter</i>	-0.284	0.372
<i>Candidatus_Solibacter</i>	-0.865**	0.001
<i>Actinospica</i>	-0.287	0.365
<i>Sphingomonas</i>	-0.400	0.198
<i>Candidatus_Koribacter</i>	-0.270	0.397
<i>Candidatus_Udaeobacter</i>	-0.531	0.075
<i>Bradyrhizobium</i>	-0.399	0.199
<i>Anaerolinea</i>	-0.710**	0.009
<i>Haliangium</i>	-0.735**	0.006
<i>Occallatibacter</i>	0.656*	0.021
<i>Bryobacter</i>	-0.269	0.397
<i>Gemmatimonas</i>	-0.074	0.818
<i>Pseudolabrys</i>	-0.483	0.112

注: \*表示 $P < 0.05$ , \*\*表示 $P < 0.01$ 。

## 3 结论与讨论

烟田进行连作, 残留在烟株残体和土壤中的疫霉菌就会成为侵染源, 加重烟草黑胫病蔓延, 复种轮作则可以有效减缓连作障碍, 降低病虫害的发生<sup>[15-16]</sup>。本研究发现, 烤烟-大豆(D)、烤烟-玉米(Y)和烤烟-水稻(S)复种模式下的烟田黑胫病发病率及病情指数均显著低于烤烟-秋季休耕(L)模式的, 4种模式中, 烤烟-水稻(S)模式对黑胫病的防治效果最好。

土壤微生物群落对土壤健康及作物生产具有重要作用。土壤微生物群落结构越丰富, 物种分布越均匀, 表明土壤微生态系统越稳定, 越有利于作物的生长和抵御病害<sup>[17-20]</sup>, 而土壤病原微生物的富集不利于土壤微生物种群的平衡<sup>[21]</sup>。近年来, 高通量测序技术被广泛应用于环境样品微生物群落组成的分析研究<sup>[22-23]</sup>。本研究对烤烟-大豆(D)、烤烟-玉米(Y)、烤烟-水稻(S)及烤烟-秋季休耕(L)4种复种模式下土壤细菌群落结构进行了测序分析, 研究结果表明, 烤烟-大豆(D)、烤烟-玉米(Y)、烤烟-水稻(S)模式的细菌群落的OTU数均高于烤烟-秋季休耕(L)模式的, 且与L模式共有的OTU数较少, 说明复种轮作可以增加土壤细菌的种类和数量。烤烟-水稻(S)模式总OTU数及特有OTU数在4种模式中最高, 说明在该模式下土壤细菌群落变化最为显著。4种植植模式下D、Y、S模式烟田土壤细菌的Shannon指数、Simpson指数和Chao1指数均高于L模式的, 说明复种轮作可以有效改变土壤细菌多样性及均匀度。这可能是因为烤烟-水稻轮作过程中水旱交替的环境有利于土壤细菌群落的变化。OTU及多样性指数分析结果表明, 复种轮作可以影响土壤不同细菌的丰度与多样性, 可能增加有益细菌的数目, 减少烤烟病害的发生。

本研究中, 在门分类水平上, 不同种植模式下土壤细菌门水平优势群落组成相似, 但各优势菌门相对丰度差异明显。变形菌门、绿弯菌门和酸杆菌门是烟田土壤细菌群落中的优势菌门。相比于烤烟-秋季休耕(L), 其他3种复种模式变形菌门的相对丰度呈下降趋势, 而酸杆菌门呈上升趋势, 绿弯菌门无明显变化规律。本研究中, 烤烟-秋季休耕(L)模式的变形菌门相对丰度明显高于其他处理的。变形菌门相对丰度的增加可以有效固定氮源<sup>[24]</sup>, 但有研



究<sup>[25]</sup>表明,土壤氮素含量过高并不利于成熟期烟叶质量的形成。酸杆菌门有降解植物残体多聚物的功能<sup>[26]</sup>,复种轮作可以增加土壤中植物残体,从而导致土壤酸杆菌门丰度的增加。在属水平上,相对丰度排名前20的物种中,相比于L模式,其他3种复种模式优势属的数量都有一定程度的提高,其中Y、S模式的的优势属分别达17、15个;在属水平排名前20的物种中,朱氏杆菌属、罗河杆菌属、未培养酸杆菌和嗜酸杆菌属为4种复种模式下共有的优势属。其中,L模式中朱氏杆菌属、罗河杆菌属相对丰度较高,而S模式朱氏杆菌属、罗河杆菌属相对丰度较低。这与前人的研究结果基本一致<sup>[27]</sup>。相关性分析结果表明,朱氏杆菌属、罗河杆菌属、酸热菌属和厚皮杆菌属的相对丰度与烤烟黑胫病发生率呈显著正相关,候选物种土源菌属、厌氧绳菌属和嗜盐囊菌属的相对丰度与烤烟黑胫病发生率呈显著负相关。有研究<sup>[28]</sup>表明烟草黑胫病往往在低洼地、土壤黏重地及碱性大、氮含量较高的地块更易发病。朱氏杆菌属、罗河杆菌属和酸热菌属都是土壤氮循环中活跃的细菌属,容易造成土壤氮素富集,而反硝化菌嗜盐囊菌属可以消耗土壤中过多的氮素营养,抑制致病菌<sup>[29]</sup>。候选物种土源菌属则可降解植物残体多聚物,分解有机质,利用碳源,提高植物对常见病害的抵抗力<sup>[30]</sup>。

GRIFFITHS等<sup>[31]</sup>研究指出,生物多样性与功能之间没有直接关系,但生物多样性高的土壤比生物多样性受损的土壤更能抵抗胁迫。在本研究中,不同复种模式可以改变土壤细菌群落结构,从而塑造有利于抵抗病害的土壤细菌群落,进而减少黑胫病的发生。

#### 参考文献:

- [1] 李兴华,胡日生,谭新球,等. 湖南省烟叶产业链稳定发展的典型模式分析[J]. 现代农业科技, 2012(18): 312-313.
- [2] 李奉国,马龙传,孔勇,等. 连作对大蒜土壤养分、微生物结构和酶活的影响[J]. 中国农业科技导报, 2019, 21(1): 141-147.
- [3] 张会慧,金微微,岳冰冰,等. 连作对东北地区烤烟生长和叶片光合特性的影响[J]. 中国烟草科学, 2013, 34(2): 18-22, 27.
- [4] 穰中文,朱三荣,田峰,等. 不同种植模式烟田土壤细菌种群特征与青枯病发生的关系[J]. 湖南农业大学学报(自然科学版), 2018, 44(1): 33-38.
- [5] 张继光,申国明,张久权,等. 烟草连作障碍研究进展[J]. 中国烟草科学, 2011, 32(3): 95-99.
- [6] 滕凯,陈前锋,周志成,等. 烟草连作障碍与土壤理化性质及微生物多样性特征的关联[J]. 微生物学通报, 2020, 47(9): 2848-2856.
- [7] 艾亥麦提·艾麦尔江,黄佳,成志军,等. 不同轮作模式对植烟土壤团聚体稳定性及烟叶品质的影响[J]. 湖南农业大学学报(自然科学版), 2023, 49(1): 18-24, 34.
- [8] 吴哲宽,孙光伟,陈振国,等. 不同轮作模式对烤烟产质量的影响[J]. 山西农业科学, 2019, 47(3): 370-373.
- [9] 杨梅. 烟稻轮作高产栽培技术分析[J]. 南方农业, 2019, 13(6): 33-34.
- [10] 刘福童,李茂森,闫超超,等. 烤烟连作条件下土壤微生物群落结构变化及驱动因素分析[J]. 华中农业大学学报, 2023, 42(2): 139-146.
- [11] 李彤. 土壤微生物群落及环境因子对西洋参种植生长过程的响应[D]. 西安: 陕西师范大学, 2019.
- [12] GB/T 23222—2008. 烟草病虫害分级及调查方法[S].
- [13] 夏信瑶. 连作对烟田根际土壤细菌群落结构和多样性的影响[D]. 泰安: 山东农业大学, 2018.
- [14] CLARKE K R. Non-parametric multivariate analyses of changes in community structure[J]. Australian Journal of Ecology, 1993, 18(1): 117-143.
- [15] 陈丹梅,段玉琪,杨宇虹,等. 轮作模式对植烟土壤酶活性及真菌群落的影响[J]. 生态学报, 2016, 36(8): 2373-2381.
- [16] 王飞,李世贵,徐凤花,等. 连作障碍发生机制研究进展[J]. 中国土壤与肥料, 2013(5): 6-13.
- [17] 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.
- [18] 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, 35(2): 57-60.
- [19] 陈臻,曾翠云,张永合,等. 连作及轮作对党参根际微生物多样性的影响[J]. 中药材, 2023, 46(4): 823-828.
- [20] 胡峻峰,曾建荣,刘键锤,等. 广藿香间作生姜与豇豆对其根际微生物群落多样性的影响[J]. 中药材, 2022, 45(10): 2316-2321.
- [21] 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.
- [22] 张维潇,李键,蹇宇,等. 宏基因组学在食品科学领域的应用研究进展[J]. 食品科学, 2012, 33(5): 309-314.
- [23] 钮旭光,韩梅,韩晓日. 宏基因组学: 土壤微生物研究的新策略[J]. 微生物学通报, 2007, 34(3): 576-579.
- [24] 苏先楚,叶桂萍,邓米林,等. 长期施用粪肥对红壤固氮菌多样性和群落组成的影响[J]. 土壤, 2024, 56(5): 975-981.

- doi/10.13327/j.jjlau.2024.20494.
- [37] 邵玮玮, 于淑婷, 王丽, 等. 根瘤菌剂和种衣剂拌种对不同品种大豆结瘤能力和产量的影响[J]. 中国土壤与肥料, 2022(6): 188-194.
- [38] 陈腊, 米国华, 李可可, 等. 多功能植物根际促生菌对东北黑土区玉米的促生效果[J]. 应用生态学报, 2020, 31(8): 2759-2766.
- [39] 姚延轩, 接伟光, 胡崴, 等. 微生物菌肥对大豆生长发育及根际土壤性质的影响综述[J]. 湖北农业科学, 2019, 58(20): 21-24, 38.
- [40] SU Z H, LIU G G, LIU X M, et al. Functional analyses of the *Bacillus velezensis* HMB26553 genome provide evidence that its genes are potentially related to the promotion of plant growth and prevention of cotton *Rhizoctonia damping-off*[J]. *Cells*, 2023, 12(9): 1301.
- [41] LI S P, XIAO Q L, YANG H J, et al. Characterization of a new *Bacillus velezensis* as a powerful biocontrol agent against tomato gray mold[J]. *Pesticide Biochemistry and Physiology*, 2022, 187: 105199.
- [42] 张宁, 毕研飞, 郭静, 等. 不同抗性甜瓜接种蔓枯病菌后PAL、PPO与POD活性的变化[J]. 植物生理学报, 2016, 52(8): 1169-1175.
- [43] CHI M, BHAGWAT B, LANE W D, et al. Reduced polyphenol oxidase gene expression and enzymatic browning in potato(*Solanum tuberosum* L.) with artificial microRNAs[J]. *BMC Plant Biology*, 2014, 14(1): 62.
- 责任编辑: 毛友纯  
英文编辑: 罗 维
- 
- (上接第15页)
- [25] 贾健, 朱金峰, 杜修智, 等. 不同种植模式对烤烟根际土壤微生物、土壤养分和烟叶质量的影响[J]. 西南农业学报, 2016, 29(10): 2300-2306.
- [26] 王光华, 刘俊杰, 于镇华, 等. 土壤酸杆菌门细菌生态学研究进展[J]. 生物技术通报, 2016, 32(2): 14-20.
- [27] ZHENG Y X, YANG M, WU J G, et al. Study on interaction between bacterial community and microecological environment in rhizosphere soil of tobacco root rot caused by *Fusarium solani*[J]. *Materials Express*, 2021, 11(2): 166-173.
- [28] 杨兰. 湘西地区烟草黑胫病研究[D]. 长沙: 湖南农业大学, 2013.
- [29] YIN S J, ZHANG X, SUO F Y, et al. Effect of biochar and hydrochar from cow manure and reed straw on lettuce growth in an acidified soil[J]. *Chemosphere*, 2022, 298: 134191.
- [30] 王凯悦, 张仲富, 王好才, 等. 哈尼梯田传统耕作方式下的水稻土壤微生物多样性及功能特征分析[J]. 西南林业大学学报(自然科学), 2022, 42(2): 56-66.
- [31] GRIFFITHS B S, RITZ K, BARDGETT R D, et al. Ecosystem response of pasture soil communities to fumigation-induced microbial diversity reductions: an examination of the biodiversity-ecosystem function relationship[J]. *Oikos*, 2000, 90(2): 279-294.
- 责任编辑: 毛友纯  
英文编辑: 罗 维