

娃娃菜不同轮作模式下根际土壤微生物群落多样性特征

刘素¹, 冯海萍², 程彦弟¹, 陈倬¹, 康建宏¹, 吴宏亮¹

(1. 宁夏大学农学院, 宁夏 银川 750000; 2. 宁夏农林科学院园艺研究所, 宁夏 银川 750000)

摘要:为探明不同作物与娃娃菜轮作后的效果,在宁夏南部山区进行定位试验,采用高通量测序技术,结合土壤理化性质及酶活性,比较分析了娃娃菜-西兰花(CMB)、娃娃菜-大葱(CMG)、娃娃菜-洋葱(CMO)、娃娃菜-土豆(CMP)和以娃娃菜连作(CCC)为对照的5个处理的微生物多样性,旨在筛选出适宜与娃娃菜轮作的作物,为从栽培模式选择角度缓解或避免娃娃菜连作障碍提供理论依据。试验结果表明:与连作相比,轮作马铃薯土壤硝态氮含量最高为 $12.8 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$,轮作大葱土壤速效磷含量最高为 $75.74 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$,但不同轮作模式下速效钾和有机质含量有所下降。轮作马铃薯土壤的碱性磷酸酶、蔗糖酶与轮作洋葱土壤的过氧化氢酶、脲酶显著低于娃娃菜连作和轮作其他作物。细菌丰度在属水平上的结果表明轮作导致大部分有益细菌属丰度升高,如贪铜菌属(*Cupriavidus*)、鞘脂单胞菌属(*Sphingomonas*)、柄杆菌属(*Caulobacter*)等,有害菌及其他部分未分类功能作用菌属丰度降低,如伯克氏菌(*Burkholderiaceae*)、黄杆菌属(*Flavobacterium*)等。真菌群落组成研究结果显示,子囊菌门(*Ascomycota*)是连作与轮作模式下共有的优势菌群,同时轮作洋葱CMO和轮作马铃薯CMP中多真菌属丰度最低且与连作CCC之间存在显著差异。冗余分析表明,土壤硝态氮是改变娃娃菜连作与不同轮作模式下细菌和真菌群落结构的最重要因素。综上所述,不同作物与娃娃菜轮作会造成土壤化学性质、酶学性质及微生物多样性的改变,其中以洋葱与马铃薯在各方面指标中表现效果最佳,建议宁夏南部山区冷凉蔬菜产业中将娃娃菜-洋葱和娃娃菜-马铃薯作为主要的轮作模式进行推广。

关键词:娃娃菜;轮作模式;根际土壤;微生物群落多样性;宁夏

中图分类号:S634;S154.3;S344.1 **文献标志码:**A

Diversity characteristics of rhizosphere soil and microbial community under different rotation patterns of baby cabbage

LIU Su¹, FENG Haiping², CHENG Yandi¹, CHEN Zhuo¹, KANG Jianhong¹, WU Hongliang¹

(1. School of Agriculture, Ningxia University, Yinchuan 750000, China;

2. Institute of Horticulture, Ningxia Academy of Agricultural and Forestry Sciences, Yinchuan, Ningxia 750000, China)

Abstract: A localization experiment was carried out in the southern mountainous area of Ningxia to explore the effects of different crops and baby cabbage rotation on soil environment. The microbial diversity of five treatments of baby cabbage-broccoli (CMB), baby cabbage-green onion (CMG), baby cabbage-onion (CMO), baby cabbage-potato (CMP) and baby cabbage continuous cropping (CCC) were compared and analyzed by high-throughput sequencing technology combined with soil physical and chemical properties and enzyme activity. The aim was to screen out suitable crops for baby cabbage rotation and provide theoretical basis for alleviating or avoiding continuous cropping obstacles of baby cabbage from the perspective of cultivation mode selection. The results showed that compared with continuous cropping, the highest content of nitrate nitrogen in potato soil was $12.8 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$, and

收稿日期:2022-04-20

修回日期:2022-06-09

基金项目:宁夏农业高质量发展和生态保护科技创新示范项目(NGSB-2021-8-06);宁夏回族自治区自然科学基金(2021AAC03079);宁夏回族自治区青年拔尖人才项目(2017)

作者简介:刘素(1998-),女,宁夏西吉人,硕士研究生,研究方向为农作制度理论与技术。E-mail: nxliu@163.com

通信作者:冯海萍(1981-),女,宁夏盐池人,副研究员,主要从事蔬菜生理及无土栽培研究。E-mail: fenghaiping2005@163.com

吴宏亮(1976-),男,山西太谷人,副教授,主要从事耕作制度、农业生态领域的应用基础理论和技术研究。E-mail: nxuwu@163.com

the highest content of available phosphorus in spring onion soil was 75.74 mg · kg⁻¹. However, the content of available potassium and organic matter decreased under different rotation patterns. Alkaline phosphatase, sucrase in potato soil and catalase and urease in onion soil were significantly lower than those in baby cabbage continuous cropping and other crops. The results of bacterial abundance at the genus level showed that rotation led to the increase of the abundance of most beneficial bacteria, such as *Cupriavidus*, *Sphingomonas*, *Caulobacter*, etc., while the abundance of harmful bacteria and other unclassified functional bacteria such as *Burkholderiaceae* and *Flavobacterium* decreased. The results of fungal community composition indicated that Ascomycota was the common dominant flora under continuous cropping and rotation mode. At the same time, there was no fungus genus with the highest abundance in the soil of onion and potato rotation and there was a significant difference between the soil of baby vegetable and that of continuous cropping. Redundancy analysis showed that soil nitrate nitrogen was the most important factor for changing the community structure of bacteria and fungi under continuous cropping and different rotation patterns. To sum up, different crops and baby cabbage rotation caused changes in soil chemical properties, enzymatic properties, and microbial diversity. Of which onion and potato had the best performance in all indicators. It is suggested that baby cabbage-onion and baby cabbage-potato rotation should be popularized as the main rotation mode in the cold vegetable industry in the mountainous area of Southern Ningxia.

Keywords: baby cabbage; rotation mode; rhizosphere soil; microbial community diversity; Ningxia

娃娃菜 (*Brassica rapa subsp. pekinensis*) 为袖珍型小株白菜, 属十字花科芸薹属, 半耐寒性蔬菜。宁南山区有海拔高、光照足、昼夜温差大等得天独厚的气候条件, 十分有利于喜冷凉蔬菜生长, 是发展露地冷凉蔬菜的优势区域^[1]。因此, 近年来, 以宁南山区娃娃菜等冷凉蔬菜为代表的宁夏露地蔬菜成为宁夏瓜菜产业的重要组成部分^[2]。同时娃娃菜甜嫩鲜美, 富含维生素和硒, 且叶绿体色素含量较高, 具有丰富的营养价值和经济效益^[3]。

连作指在农地上连续种植同一作物的栽培方式。多年连作会导致作物产生严重的连作障碍问题, 比如作物生长发育不良, 产量、品质下降, 病虫害增加等^[4]。大部分农户受有限耕地资源的制约, 在生产中会选择连作的种植方式。但靳博红^[5] 研究结果表明, 随着十字花科蔬菜连作年限的增长, 土壤酸化问题突出, 作物感病程度加重。植物根际微生物在连作后, 寄生能力强的病原细菌和真菌会大量富集并侵染作物根部, 引发病虫害问题, 白菜的根肿病问题尤为突出。由此可见, 栽培模式单一会引发严重的连作障碍、产量质量不稳定等瓶颈问题, 对宁夏南部山区冷凉蔬菜产业的健康可持续发展产生不利影响^[6]。

轮作是用地、养地相结合的栽培措施, 指在一定年限内, 同一块土地上按预定的顺序轮换种植不同的作物。合理轮作不仅有利于提高生态和经济效益, 还会影响农田土壤微生物的群落多样性, 作物根系、土壤沉积物和残留物的质量和数量也会发生变化^[7], 可均衡利用土壤养分, 有效改善土壤的

理化性状、调节土壤肥力, 达到增产增收的目的^[8]。国内外学者对部分大田作物的轮作问题进行了研究, 徐蕾^[9] 认为, 大葱-白菜轮作后土壤中脲酶、过氧化氢酶和脱氢酶活性显著增加, 细菌数量提高。孙倩^[10] 研究表明, 谷子-籽粒苋轮作有利于土壤有机质含量增加, 蔗糖酶活性提高, 土壤有害微生物比例降低, 经济效益表现绝佳。贺希格都楞^[11] 研究结果表明, 扫帚菜-白菜轮作不仅可以增加白菜生物量, 还可以有效降低白菜可食部镉含量。然而, 针对娃娃菜的研究尚未见相关详细报道, 娃娃菜与不同作物轮作的根际土壤理化性质、酶活性及微生物多样性的影响方面也知之甚少。因此, 本研究拟分析娃娃菜在不同轮作模式下作物根际土壤理化性状、酶活性和微生物多样性之间的关系与变化, 从而制定宁南地区合理的娃娃菜轮作模式, 为打破娃娃菜连作障碍提供理论和实践依据。

1 材料与方法

1.1 试验地概况

试验地位于宁夏固原市原州区彭堡镇, 该区域位于宁夏中部冷凉带, 属典型的中温带干旱、半干旱大陆性气候, 干旱少雨, 海拔 1 370 m, 无霜期 120 ~ 218 d, 年降水量 150 ~ 300 mm, 多集中在 7—8 月, 年蒸发量在 2 325 mm 左右, 年平均气温 8.6℃, ≥ 10℃ 的积温约 3 000℃。该区土壤质地为砂壤土。

1.2 试验设计

2018—2019 年在试验地进行裂区试验, 2018 年种植娃娃菜 (CCC), 2019 年在 2018 年的基础上设 5

种植模式,分别种植娃娃菜、西兰花(CMB)、洋葱(CMO)、大葱(CMG)与马铃薯(CMP)。作物全生育期内试验地采用滴灌方式灌水,基肥分别施 3.75 t·hm⁻²有机肥和 300 kg·hm⁻²复合肥,后期施肥量按照各自的需肥规律结合灌水均追施 N:P:K 为 20:20:20 平衡复合肥。具体用量如下:娃娃菜莲座期施肥 120 kg·hm⁻²,结球期施肥 180 kg·hm⁻²;西兰花苗期施肥 120 kg·hm⁻²,莲座期施肥 150 kg·hm⁻²,花球生长期施肥 180 kg·hm⁻²;洋葱苗期施肥 120 kg·hm⁻²,鳞茎膨大始期施肥 150 kg·hm⁻²,鳞茎膨大盛期施肥 180 kg·hm⁻²;大葱苗期施肥 120 kg·hm⁻²,葱白形成期施肥 150 kg·hm⁻²,葱白充实期施肥 180 kg·hm⁻²;马铃薯苗期施肥 120 kg·hm⁻²,现蕾初期施肥 150 kg·hm⁻²,结薯盛期施肥 180 kg·hm⁻²。

1.3 土壤样品的采集

在 2019 年,分别于不同作物成熟期(洋葱:6 月;娃娃菜、西兰花:8 月;大葱、马铃薯:10 月)采集各处理的土壤样品。每个处理随机选取 5 个采样点,每个采样点选取长势一致的作物,将作物根系上的附着土壤作为根际土壤,挑出根系、秸秆、石块、虫体等杂物,用手轻抖根系剩余土壤装于无菌自封袋,过 20 目筛后一部分装于离心管,-80℃ 保存,用于测定土壤微生物多样性及酶活性,一部分风干后测定基本理化性质。

1.4 测定方法

土壤理化性状的测定^[12]:硝态氮采用紫外分光光度法;速效磷采用 NaHCO₃ 浸提-硫酸钼锑抗比色法;速效钾采用 NH₄OAc 浸提-火焰光度法;有机质采用重铬酸钾氧化-分光光度法。

土壤酶活性的测定^[13]:碱性磷酸酶采用磷酸苯二钠比色法,蔗糖酶活性采用 3,5-二硝基水杨酸比色法;过氧化氢酶活性采用高锰酸钾滴定法;脲酶活性采用苯酚钠-次氯酸钠比色法;

土壤微生物群落结构及多样性的测序分析^[14-16]:采用 Illumina MiSeq 高通量测序方法进行微生物群落结构的测定,流程如下:微生物组总 DNA 提取→目标片段 PCR 扩增→扩增产物磁珠纯化回收→扩增产物荧光定量→测序文库制备→上机进行高通量测序。试验具体操作测试由上海派森诺科技股份有限公司完成。

1.5 数据处理与分析

采用 Excel 2013 软件对土壤样品的理化性状及酶活性数据进行整理和统计分析,采用 SPSS 20.0 进行多重比较,采用 Origin 8.0 作图。利用 QIIME 中的

OUT 表,计算细菌和真菌丰富度指数(Chao1 指数、Observed species 指数)、多样性指数(Shannon 指数、Simpson 指数)等 OUT 水平的 α 多样性指数^[17-19]。Venn 图、50 个优势细菌属和真菌属的热图均利用 R 软件分析和生成,多元分析利用 Canoco 5.0 生成。

2 结果与分析

2.1 娃娃菜不同轮作模式对作物根际土壤理化性质的影响

通过对 5 组土壤样本比较分析(表 1),硝态氮中轮作西兰花土壤(CMB)和连作娃娃菜土壤(CCC)含量一致,均为 6.8 mg·kg⁻¹,轮作马铃薯土壤(CMP)含量最高为 12.8 mg·kg⁻¹;速效磷(AP)在轮作土壤中的含量高于连作土壤,在轮作大葱土壤(CMG)中含量最高,为 75.74 mg·kg⁻¹,CCC 中含量最低为 20.45 mg·kg⁻¹,处理间呈现显著差异($P<0.05$);速效钾(AK)和有机质(OM)的变化一致,连作土壤中的含量高于轮作土壤,但处理间的有机质含量不存在显著性差异。

2.2 娃娃菜不同轮作模式对作物根际土壤酶活性的影响

由表 2 可知,轮作显著影响了土壤中碱性磷酸酶、蔗糖酶、过氧化氢酶、脲酶的活性。其中碱性磷酸酶和蔗糖酶在 CMB 中活性最高,分别为 13.88 mg·g⁻¹·d⁻¹和 1.65 mg·g⁻¹·d⁻¹,与 CCC 差异不显著,在 CMP 中活性最低,分别为 8.75 mg·g⁻¹·d⁻¹和 0.76 mg·g⁻¹·d⁻¹;过氧化氢酶、脲酶活性均是在连作土壤中最高,分别为 1.15 mg·g⁻¹·h⁻¹和 2.44 mg·g⁻¹·d⁻¹,在 CMO 中活性最低,分别为 0.92 mg·g⁻¹·h⁻¹和 1.32 mg·g⁻¹·d⁻¹。

表 1 娃娃菜连作与轮作模式下土壤化学性质变化
Table 1 Changes of soil chemical properties under continuous cropping and rotation mode of baby cabbage

处理 Treatment	硝态氮 NO ₃ ⁻ -N /(mg·kg ⁻¹)	速效磷 Available P /(mg·kg ⁻¹)	速效钾 Available K /(mg·kg ⁻¹)	有机质 Organic matter /(g·kg ⁻¹)
CCC	6.8±0.84c	20.45±3.55d	224.3±18.9a	12.62±3.75a
CMB	6.8±0.84c	27.74±2.68e	154.0±11.5b	10.94±0.52a
CMG	12.2±1.64ab	75.74±2.36a	151.2±11.7b	11.94±1.19a
CMO	9.6±4.22bc	59.25±1.35c	129.9±13.6c	11.32±0.26a
CMP	12.8±0.84a	71.30±1.75b	145.4±15.0bc	11.12±0.49a

注:CCC:娃娃菜连作;CMB:娃娃菜-西兰花轮作;CMG:娃娃菜-大葱轮作;CMO:娃娃菜-洋葱轮作;CMP:娃娃菜-土豆轮作。不同小写字母表示处理间差异显著($P<0.05$),下同。

Note: CCC: Continuous cropping of baby cabbage; CMB: Baby cabbage-broccoli rotation; CMG: Baby cabbage-scallion rotation; CMO: Baby cabbage-onion rotation; CMP: Baby cabbage-potato rotation. Different lowercase letters indicate significant differences among treatments ($P<0.05$), the same below.

表 2 娃娃菜连作与轮作模式下土壤酶活性变化
Table 2 Changes of soil enzyme activity under continuous cropping and rotation mode of baby cabbage

处理 Treatment	碱性磷酸酶 Alkaline phosphatase /(mg · g ⁻¹ · d ⁻¹)	蔗糖酶 Sucrase /(mg · g ⁻¹ · d ⁻¹)	过氧化氢酶 Catalase /(mg · g ⁻¹ · h ⁻¹)	脲酶 Urease /(mg · g ⁻¹ · d ⁻¹)
CCC	13.59±0.80a	1.42±0.39ab	1.15±0.01a	2.44±0.25a
CMB	13.88±0.64a	1.65±0.26a	1.13±0.02a	1.33±0.21c
CMG	10.48±0.93b	1.38±0.26ab	1.00±0.02b	1.57±0.20bc
CMO	9.27±0.75c	1.07±0.28bc	0.92±0.03c	1.32±0.33c
CMP	8.75±0.86c	0.76±0.07c	0.94±0.05c	1.66±0.04b

2.3 连作与不同轮作方式对土壤微生物多样性和群落结构的影响

2.3.1 连作与不同轮作方式对土壤微生物多样性的影响 Alpha 多样性可用来分析不同作物与娃娃菜轮作时根际土壤的多样性。由表 3 可见,各组间土壤细菌群落丰富度指数(Chao1 指数)与 Observed species 指数均为 CMB 最高,CMP 最低。各组间土壤细菌群落多样性指数(Simpson 指数)由低到高排序为 CMO<CMG<CMP<CMB<CCC,Shannon 指数由小到大分别为 CMO<CMP<CMG<CMB<CCC,其中连作娃娃菜土壤 CCC 微生物多样性最高,为 10.96,轮作洋葱土壤 CMO 多样性最低,为 10.18。但土壤细菌群落丰富度指数(Chao1 指数、Observed 指数)在各组间差异不显著($P>0.05$)。Pielou 均匀度指数表征均匀度,各组样本中的均匀度在 80% 以上。Good's coverage 指数表征覆盖度,各组样本中的 Good's coverage 数值均在 98% 以上,证明样本中序列没有被测出的概率很低,本次测序结果可以代表样本的真实情况。

真菌 rDNA ITS 序列分析结果显示,覆盖度为 100%(表 3),Chao1 指数与 Observed species 指数变化趋势一致,由大到小排序为 CCC>CMG>CMO>CMP>CMB,各组间存在显著差异。CMP 的多样性指数(Simpson 指数、Shannon 指数)与均匀度指数(Pielou's evenness)为组间最低,分别是 0.7905、3.83 和 0.4657,Simpson 指数与 Pielou 均匀度指数在组间没有显著差异性,但 Shannon 指数较 CCC 处理呈显著差异。

2.3.2 连作与不同轮作方式对土壤细菌群落组成及丰度的影响 对土壤细菌群落丰度在门水平上进行分析,娃娃菜连作与轮作土壤中前 6 位的优势菌门均相同,但相对丰度含量存在显著差异。由表 4 可见,与娃娃菜连作土壤 CCC 相比,轮作土壤中放线菌门(Actinobacteria)和绿弯菌门(Chloroflexi)相对百分比含量明显增加,而酸杆菌门(Acidobacte-

ria)和拟杆菌门(Bacteroidetes)相对百分比含量明显降低。同时,轮作洋葱土壤(CMO)中的变形菌门(Proteobacteria)和轮作西兰花土壤(CMB)中的芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)明显高于其他处理土壤。

对细菌丰度在属水平上进行分析(表 4),结果表明轮作导致大部分有益细菌属丰度升高,有害菌及其他部分未分类功能作用菌属丰度降低。与连作 CCC 相比,CMB 中相对丰度最高且具显著差异的细菌属有类诺卡氏菌属(*Nocardioides*)、气微菌属(*Aeromicrobium*)、*Lamia*、*unclassified_Gitt-GS-136*、*unclassified_KD4-96*、芽单胞菌属(*Gemmatimonas*)。CMG 中只有粘细菌属(*Haliangium*)相对丰度最高且与连作 CCC 存在显著差异。CMO 中贪铜菌属(*Cupriavidus*)、鞘脂单胞菌属(*Sphingomonas*)、柄杆菌属(*Caulobacter*)、远洋杆菌属(*Pelagibacterium*)、*Gaiella* 相对丰度百分比含量最高。CMP 中为溶杆菌属(*Lysobacter*)、盐单胞菌属(*Halomonas*)、土生单胞菌属(*Terrimonas*)。

2.3.3 连作与不同轮作方式对土壤真菌群落组成及丰度的影响 由表 5 可见,子囊菌门(Ascomycota)、油壶菌门(Olpidiomycota)、担子菌门(Basidiomycota)、被孢霉门(Mortierellomycota)是娃娃菜连作与轮作土壤中共有的优势真菌门,其中轮作导致子囊菌门(Ascomycota)丰度高于连作,但只有轮作大葱 CMG 具有显著差异($P<0.05$)。油壶菌门(Olpidiomycota)与被孢霉门(Mortierellomycota)中轮作西兰花 CMB 真菌门丰度较连作 CCC 升高,其余处理丰度急剧降低。CMG 在担子菌门(Basidiomycota)中丰度显著增加。

在属水平上分析(表 5),娃娃菜轮作后子囊菌门(Ascomycota)中的癭囊腔菌属(*Plectosphaerella*)、炭疽菌属(*Colletotrichum*)和链格孢属(*Alternaria*)丰度变化一致,均呈显著下降趋势。与连作 CCC 相比,轮作西兰花 CMB 在 4 个真菌门的 20 种属里面有 4 个属相对百分比含量最高且具显著差异,包括毛壳菌属(*Chaetomium*)、枝孢菌属(*Cladosporium*)、*Ilyonectria*、被孢霉属(*Mortierella*)。轮作大葱 CMG 为 4 个属,分别是毛葡萄属(*Botryotrichum*)、镰刀菌属(*Fusarium*)、无茎真菌属(*Acaulium*)、支顶孢属(*Acremonium*)。轮作洋葱 CMO 和轮作马铃薯 CMP 中多真菌属丰度最低且与连作 CCC 之间存在显著差异。

2.4 土壤化学性质和微生物种群的相关分析

基于细菌和真菌属的相对丰度和环境变量的冗余分析(RDA)结果如图 1 所示。图 1a 显示,第一和第二 RDA 组分共能解释细菌原始数据中 63.389% 的差异比例。土壤硝态氮和速效磷与轮作

表 3 娃娃菜连作与轮作模式下土壤细菌和真菌群落 Alpha 多样性指数

Table 3 Alpha diversity index of soil bacterial and fungal communities under continuous cropping and rotation mode of baby cabbage

分类 Classification	处理 Treatment	ChaoI 指数 ChaoI index	物种观察数 Observed species	辛普森指数 Simpson index	香农指数 Shannon index	Pielou 均匀度 Pielou's evenness	覆盖度/% Coverage
细菌 Bacteria	CCC	8255.61±1283.78a	6962.56±883.56a	0.9976±0.0004a	10.96±0.12a	0.8600±0.0089a	98
	CMB	9147.77±1112.49a	7397.72±683.32a	0.9969±0.0013a	10.92±0.13a	0.8497±0.0091a	98
	CMG	8150.77±1433.17a	7100.96±965.36a	0.9936±0.0036a	10.81±0.35a	0.8451±0.0171a	98
	CMO	8751.98±980.87a	7259.30±591.56a	0.9821±0.0104b	10.18±0.50b	0.7956±0.0360b	98
	CMP	7565.13±597.35a	6695.52±442.92a	0.9945±0.0027a	10.79±0.25a	0.8489±0.0173a	99
真菌 Fungi	CCC	377.67±35.70a	373.50±35.35a	0.8787±0.1092a	5.20±1.08a	0.6090±0.1243a	100
	CMB	279.03±49.27c	273.82±46.74c	0.8278±0.2174a	4.57±1.29ab	0.5664±0.1607a	100
	CMG	357.01±42.60ab	355.26±42.30ab	0.9140±0.0254a	5.02±0.44ab	0.5920±0.0398a	100
	CMO	332.32±54.33abc	331.74±54.47abc	0.9031±0.0456a	5.01±0.74ab	0.5978±0.0721a	100
	CMP	301.90±33.53bc	300.20±32.89bc	0.7905±0.1123a	3.83±0.49b	0.4657±0.0598a	100

表 4 娃娃菜不同种植模式土壤细菌在门和属水平上的丰度变化

Table 4 Abundance changes of soil bacteria at phylum and genus levels in different planting modes of baby cabbage

优势菌门 Dominant phyla	属 Genera	丰度 Abundance/%				
		CCC	CMB	CMG	CMO	CMP
变形菌门 Proteobacteria	总量 Total amount	41.46±2.56b	35.02±1.49c	43.13±1.96ab	45.33±4.26a	43.04±2.37ab
	贪铜菌属 <i>Cupriavidus</i>	2.14±0.89c	3.88±1.81bc	7.28±2.50b	12.62±4.96a	6.43±1.83b
	鞘氨醇单胞菌 <i>Sphingomonas</i>	1.93±0.32c	2.31±0.35bc	2.98±0.76ab	3.65±0.95a	3.31±0.40a
	粘细菌属 <i>Haliangium</i>	1.54±0.13a	1.07±0.10b	1.55±0.47a	1.42±0.07a	1.32±0.22ab
	有益菌 Probiotics					
	假单胞菌属 <i>Pseudomonas</i>	1.21±1.02a	0.62±1.12ab	0.28±0.13ab	0.06±0.04b	0.29±0.12ab
	德沃斯氏菌属 <i>Devosia</i>	0.73±0.10a	0.32±0.19b	0.29±0.14b	0.14±0.03b	0.23±0.11b
	溶杆菌属 <i>Lysobacter</i>	0.49±0.11b	0.69±0.11a	0.73±0.08a	0.46±0.09b	0.74±0.14a
	柄杆菌属 <i>Caulobacter</i>	0.39±0.12c	0.49±0.14c	0.92±0.11b	1.35±0.45a	0.99±0.17b
	盐单胞菌属 <i>Halomonas</i>	0.22±0.06c	0.39±0.06bc	0.72±0.38ab	0.89±0.30a	0.99±0.38a
	远洋杆菌属 <i>Pelagibacterium</i>	0.11±0.04c	0.27±0.08bc	0.40±0.11ab	0.54±0.22a	0.51±0.24a
	有害菌 Harmful					
	伯克氏菌 <i>Burkholderiaceae</i>	1.83±0.50a	1.17±0.14b	1.02±0.10b	0.60±0.09c	0.96±0.31bc
	沙壤土杆菌属 <i>Ramlibacter</i>	0.82±0.14a	0.91±0.28a	0.58±0.17b	0.34±0.10c	0.41±0.05bc
	<i>MND1</i>	8.04±1.47a	6.41±0.43b	4.49±1.30c	4.87±0.76c	3.91±0.16c
放线菌门 Actinobacteria	其他 Other					
	<i>Ellin6067</i>	1.46±0.04a	0.89±0.11cd	1.08±0.13b	0.81±0.14d	1.03±0.15bc
	砂单胞菌属 <i>Arenimonas</i>	0.88±0.12a	0.52±0.13b	0.47±0.04b	0.58±0.11b	0.85±0.10a
	韩国污泥单胞菌 <i>Caenimonas</i>	0.73±0.10a	0.32±0.19b	0.29±0.14b	0.14±0.03b	0.23±0.11b
	有益菌 Probiotics					
	总量 Total amount	12.67±1.40a	17.98±0.38a	16.26±0.81b	14.66±1.93bc	14.04±1.11cd
	<i>Gaiella</i>	1.39±0.30b	1.41±0.08b	1.52±0.24b	1.96±0.23a	1.63±0.26b
芽孢杆菌门 Gemmatimonadetes	有害菌 Harmful					
	类诺卡氏菌属 <i>Nocardioiodes</i>	0.45±0.06b	0.76±0.17a	0.73±0.23a	0.47±0.08b	0.49±0.12b
	气微菌属 <i>Aeromicrobium</i>	0.61±0.06bc	0.99±0.20a	0.87±0.35ab	0.51±0.08c	0.64±0.06bc
	其他 Other					
酸杆菌门 Acidobacteria	<i>Lamia</i>	0.52±0.08b	0.77±0.06a	0.47±0.05b	0.48±0.04b	0.48±0.02b
	芽球菌属 <i>Blastococcus</i>	0.33±0.08c	0.47±0.07b	0.65±0.10a	0.41±0.07bc	0.53±0.09b
	总量 Total amount	14.22±2.40a	12.34±1.31ab	11.13±1.68b	12.07±0.97ab	12.89±0.89ab
	其他 Other					
	Unclassified subgroup 6	5.78±1.24a	4.87±0.71ab	4.01±0.78b	4.47±0.39b	4.64±0.41b
绿弯菌门 Chloroflexi	Subgroup 10	1.11±0.17a	1.08±0.25a	1.15±0.35a	1.12±0.16a	1.23±0.09a
	<i>RB41</i>	0.89±0.23a	0.89±0.12a	0.57±0.06b	0.80±0.10a	0.63±0.03b
	总量 Total amount	9.65±0.61b	14.16±1.99a	10.31±1.20b	10.03±0.64b	9.93±0.74b
	其他 Other					
芽单胞菌门 Gemmatimonadetes	Unclassified_ <i>Gitt</i> -GS-136	1.12±0.25b	2.21±0.28a	1.18±0.18b	0.99±0.19b	1.05±0.24b
	Unclassified_ <i>KD4</i> -96	1.28±0.20ab	1.50±0.28a	1.08±0.19b	1.09±0.15b	1.18±0.17b
	总量 Total amount	7.93±1.28ab	8.18±0.71a	6.44±0.87c	6.54±0.66c	6.83±0.67bc
拟杆菌门 Bacteroidetes	芽单胞菌属 <i>Gemmatimonas</i>	0.87±0.17bc	1.17±0.15a	0.96±0.19b	0.69±0.13c	0.75±0.11bc
	有益菌 Probiotics					
	总量 Total amount	5.58±1.81a	3.70±0.69bc	4.71±0.46ab	2.97±0.41c	4.46±0.46b
	土生单胞菌属 <i>Terrimonas</i>	0.21±0.06bc	0.18±0.03c	0.27±0.06ab	0.18±0.03c	0.30±0.07a
有害菌 Harmful	黄杆菌属 <i>Flavobacterium</i>	1.15±1.09a	0.08±0.06b	0.34±0.07b	0.03±0.03b	0.30±0.20b
	<i>Ohtaekwangia</i>	0.33±0.13a	0.16±0.03c	0.31±0.10ab	0.20±0.01bc	0.32±0.08ab

大葱 CMG、洋葱 CMO、马铃薯 CMP 处理呈正相关关系。同时,这些理化因子对贪铜菌属(*Cupriavidus*)、柄杆菌属(*Caulobacter*)、鞘脂单胞菌属(*Sphingomonas*)等微生物有显著正影响,对 MND1 菌属有显著负影响。图 1b 结果表明,RDA1 轴与 RDA2 轴分别占真菌变异总量的 60.13%和5.501%。真菌中

油壶菌属 (*Olpidium*) 与土壤过氧化氢酶、碱性磷酸酶、脲酶等化学因子呈正相关,毛葡萄属 (*Botryotrichum*)、无茎真菌属 (*Acaulium*) 等真菌与其呈负相

关。此外对于细菌和真菌,第一组分 (RDA1) 可将 CCC、CMB 与 CMG、CMO、CMP 处理分开,土壤硝态氮是改变细菌和真菌群落结构的最重要因素。

表 5 娃娃菜不同种植模式土壤真菌在门和属水平上的丰度变化

Table 5 Abundance changes of soil fungi at phylum and genus levels in different planting modes of baby cabbage		丰度 Abundance/%				
优势菌门 Dominant phyla	属 Genera	CCC	CMB	CMG	CMO	CMP
子囊菌门 Ascomycota	总量 Total amount	45.08±12.79b	57.58±21.32b	78.49±5.59a	53.86±14.87b	55.80±19.30b
	毛葡萄属 <i>Botryotrichum</i>	7.51±4.47c	16.40±7.79c	36.24±9.85a	21.58±7.36bc	31.64±16.94ab
	镰刀菌属 <i>Fusarium</i>	4.38±2.24b	6.71±2.26b	11.02±3.57a	5.75±3.03b	3.67±1.23b
	癭囊腔菌 <i>Plectosphaerella</i>	6.01±4.72a	1.91±0.91b	1.51±0.28b	0.58±0.47b	3.07±4.20ab
	毛壳菌属 <i>Chaetomium</i>	1.56±1.17b	5.01±2.58a	1.66±0.86b	2.32±0.70b	1.53±0.88b
	无茎真菌属 <i>Acaulium</i>	0.44±0.55b	0.73±0.52b	4.25±2.18a	1.69±0.70b	1.94±1.95b
	炭疽菌属 <i>Colletotrichum</i>	4.26±2.30a	1.27±1.36b	0.17±0.10b	0.03±0.07b	0.82±0.72b
	刺毛四枝孢属 <i>Tetracladium</i>	1.14±0.79a	1.35±0.92a	1.35±0.67a	1.36±0.64a	0.97±0.66a
	链格孢属 <i>Alternaria</i>	2.42±2.31a	1.03±0.81ab	0.37±0.24b	0.71±1.08b	0.20±0.11b
	枝孢菌属 <i>Cladosporium</i>	1.04±0.51ab	1.34±1.39a	0.26±0.23b	0.38±0.31b	0.08±0.04b
	头束霉属 <i>Cephalotrichum</i>	0.02±0.04a	0.00±0.00a	0.06±0.08a	0.13±0.12a	3.36±6.16a
	假裸囊菌属 <i>Pseudogymnoascus</i>	0.52±0.37a	1.02±0.47a	0.55±0.33a	0.75±0.86a	0.36±0.30a
	支顶孢属 <i>Acremonium</i>	0.35±0.27b	0.26±0.37b	0.91±0.28a	0.18±0.16b	0.68±0.68ab
	<i>Ilyonectria</i>	0.46±0.41ab	0.80±0.49a	0.44±0.25ab	0.15±0.24b	0.09±0.04b
	油壶菌门 Olpidiomycota	26.39±19.90a	29.87±25.35a	0.25±0.11b	0.11±0.08b	0.09±0.07b
担子菌门 Basidiomycota	油壶菌属 <i>Olpidium</i>	26.21±19.81a	29.81±25.38a	0.24±0.10b	0.10±0.07b	0.09±0.07b
	总量 Total amount	4.24±1.78ab	0.83±0.44b	6.38±6.63a	4.15±3.64ab	0.82±0.54b
被孢霉门 Mortierellomycota	镰刀霉属 <i>Symmetrospora</i>	0.07±0.07a	0.01±0.02a	2.66±5.93a	0.02±0.04a	0.01±0.02a
	总量 Total amount	1.37±0.83b	5.08±5.02a	0.93±0.27b	1.20±0.63b	1.01±0.56b
	被孢霉属 <i>Mortierella</i>	1.37±0.83b	5.08±5.02a	0.93±0.27b	1.20±0.63b	1.01±0.56b

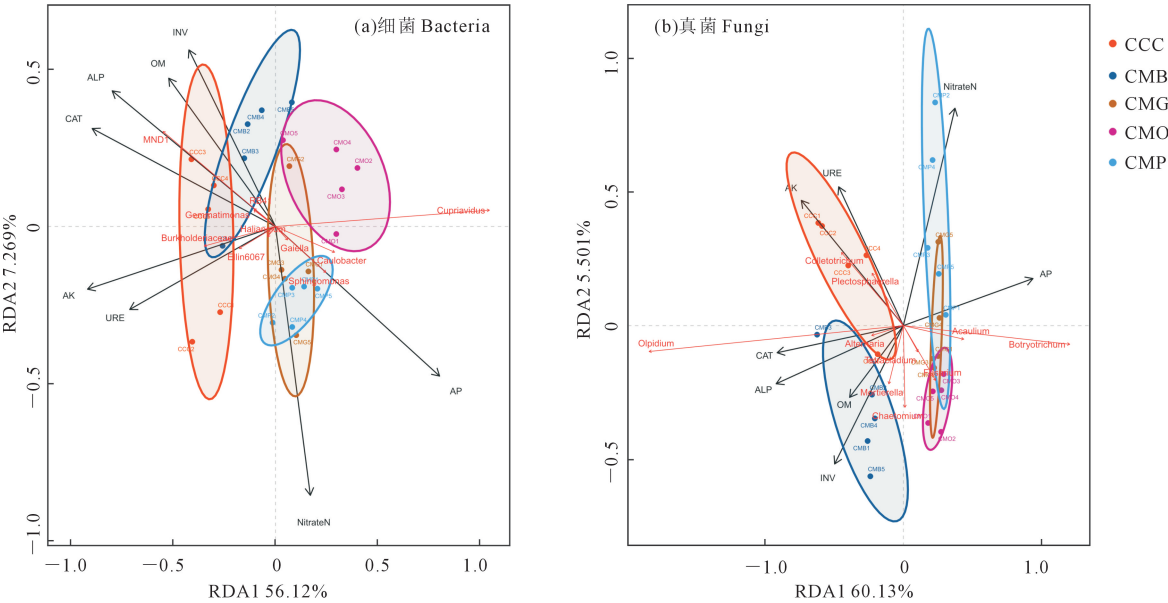


图 1 土壤细菌和真菌属的相对丰度与环境变量之间的冗余分析
Fig.1 Redundancy analysis between relative abundance of soil bacteria and fungi and environmental variables

3 讨 论

连作是蔬菜作物集约化农业生产的常见做法,但长期的单一栽培种植可能会对土壤的理化性质、酶、微生物群落和产量产生重大的负面影响^[20]。而

轮作作为解决单一连作问题的种植模式受到广泛好评,在影响作物活力和相关微生物的情况下轮作模式具有更高产量和生物量^[21],有机农业的粮食生产中作物轮作为全球作物生产带来了正影响^[22],同时,轮作不仅可以增加土壤水解酶活性,还能提高

作物的水分利用效率^[23]。本文研究了娃娃菜在不同轮作模式下的土壤养分性质,结果发现娃娃菜与不同科作物轮作后土壤硝态氮、速效磷养分迅速积累,此结果与徐蕾^[9]的研究结果相似。而与同科作物西兰花轮作后,土壤硝态氮养分无明显变化,此结果与范庆锋等^[24]研究结果一致。同时,不同作物和娃娃菜轮作与娃娃菜连作相比,速效钾与有机质含量降低。

土壤酶活性可以作为土壤中物质能量代谢旺盛程度和土壤质量水平研究指标^[25]。众多研究表明,酶与土壤生物、生态条件有显著相关性,同时在提高作物生育力、生产力等方面具有重要作用^[26]。本研究中娃娃菜与马铃薯轮作后碱性磷酸酶和蔗糖酶活性最低,与西兰花轮作后二者活性最高;娃娃菜与洋葱轮作后过氧化氢酶与脲酶活性最小,与娃娃菜连作后二者酶活性最大。后续可以在验证所得结论的基础上,结合土壤微生物生态循环方面着重选择对土壤微生物具有较高影响的土壤酶活性进行分析,以期明确土壤微生物与酶活性之间的关系。

土壤微生物的存在使土壤成为一个活的生命体,其在土壤内部发挥着重要作用的同时还负责维持整体的生态系统^[27],而土壤环境因子的变化会直接导致土壤微生物的变化^[28],进而影响整个土壤微生物生态环境。本试验细菌群落结构分析结果表明,娃娃菜连作与轮作土壤中的细菌具有相似的优势菌门,但不同物种的丰度变化较大。其中放线菌门(Actinobacteria)和绿弯菌门(Chloroflexi)丰度较连作增加,酸杆菌门(Acidobacteria)和拟杆菌门(Bacteroidetes)丰度降低。并轮作洋葱土壤中的变形菌门(Proteobacteria)和轮作西兰花土壤中的芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)丰度最高。丰度增高的门中包括有益菌 *Gaiella* 菌属(参与土壤 N_2O 的释放^[29])、*Cupriavidus* 菌属(修复重金属污染土壤^[30])、*Sphingomonas* 和 *Lysobacter* 菌属(分解有害物质和分泌促生长物质^[31-32])、*Haliangium*(生物防治植物病害^[33])、*Caulobacter*(降解重金属并解毒^[34])、*Halomonas*(有明显的抗菌作用^[35])、*Pelagibacterium*(参与降解各种污染物和毒物^[36])等,而 *Pseudomonas*(促进植物生长、抑制病害^[37])与 *Devosia*(生物降解呕吐毒素及其衍生物^[38])有益菌属丰度的降低可能是因为种植方式的变化导致作物不再需要面临严峻的土壤环境致使丰度降低。此外,娃娃菜轮作同科作物西兰花后土壤中的有害细菌如 *Nocardioideis* 等丰度增加。因此,在细菌层面结合其多样性分析,轮作洋葱土壤的多样性指数与

均匀度与其他处理有显著性差异,是较优的栽培方式。轮作同科作物西兰花的土壤表现较差,不推荐种植。

对土壤真菌群落结构进行分析,结果发现,连作与轮作土壤中的优势菌门相同,子囊菌门(Ascomycota)丰度最高。阳祥等^[39]研究发现不同轮作模式下土壤环境中的主要真菌门类也是子囊菌门(Ascomycota)。从真菌属水平上分析得出,轮作不同科作物洋葱和马铃薯后土壤中大部分真菌相对百分比含量降低,且存在与连作之间具显著差异菌属。而轮作同科作物西兰花与不同科作物大葱后其各土壤中均存在4个菌属较连作丰度升高且具有显著性差异,分别为毛壳菌属(*Chaetomium*)、枝孢菌属(*Cladosporium*)、*Ilyonectria*、被孢霉属(*Mortierella*)和毛葡孢属(*Botryotrichum*)、镰刀菌属(*Fusarium*)、无茎真菌属(*Acaulium*)、支顶孢属(*Acremonium*)。因此,在真菌层面结合其多样性分析,轮作洋葱和马铃薯的多样性指数和丰富度指数较低,推荐种植。

RDA 分析图可以用以探索群落物种组成受环境变量约束的关系。刘亚军等^[40]认为,不同土壤养分与土壤微生物群落结构之间存在相互促进或相互制约的关系。本研究发现速效磷与贪铜菌属(*Cupriavidus*)、柄杆菌属(*Caulobacter*)、鞘脂单胞菌属(*Sphingomonas*)等有益菌属呈正相关,土壤过氧化氢酶、碱性磷酸酶、脲酶等化学因子与油壶菌属(*Olpidium*)等真菌呈正相关关系,但土壤硝态氮是改变细菌和真菌群落结构的最重要因素。蔬菜极易累积硝态氮,但含量过高有可能造成硝酸盐中毒,它是衡量蔬菜品质的重要指标^[41]。杜雷等^[42]研究认为,随着作物生育期的推进,硝态氮能促进其根际土壤细菌数量,抑制真菌增长,但都具有显著性作用。这与本文研究结果一致,改变蔬菜细菌和真菌群落结构的最重要因素是土壤硝态氮。未来可以在硝态氮是如何影响作物根际土壤细菌和真菌群落结构方面入手,研究影响机理,明确运行机制,在作物生理层次进一步突破。

4 结 论

与娃娃菜连作相比,娃娃菜轮作大葱根际土壤速效磷含量最高,过氧化氢酶、脲酶活性最低;轮作马铃薯土壤硝态氮含量最高,碱性磷酸酶、蔗糖酶活性最低。通过研究作物根际土壤细菌丰度值,发现轮作会导致大部分有益细菌属丰度升高,有害菌及其他部分未分类功能菌属丰度降低。同时真菌群落组成研究结果显示,轮作洋葱和马铃薯时土壤

中多真菌属丰度最低且与娃娃菜连作之间存在显著差异。因此,缓解或避免设施娃娃菜连作障碍理想的轮作作物优先为洋葱,马铃薯次之。

参 考 文 献:

[1] 许晓瑞. 宁南山区冷凉蔬菜水肥需求规律研究[D]. 银川: 宁夏大学, 2016.
XU X R.Study on fertilizer and water demand characteristics under cool climate vegetables cultivation in hilly area of southern Ningxia[D]. Yinchuan: Ningxia University, 2016.

[2] 李宣良, 沈雯. 宁夏蔬菜产业科技发展情况研究[J]. 乡村科技, 2018(2): 79.
LI X L, SHEN W. Research on the development of science and technology of vegetable industry in Ningxia[J]. Rural Science and Technology, 2018(2): 79.

[3] 曹华. 娃娃菜优质栽培技术[J]. 北京农业, 2015(19): 22-23.
CAO H. High-quality cultivation technology of baby vegetables[J]. Beijing Agriculture, 2015(19): 22-23.

[4] LI W H, LIU Q Z, CHEN P. Effect of long-term continuous cropping of strawberry on soil bacterial community structure and diversity[J]. Journal of Integrative Agriculture, 2018, 17(11): 2570-2582.

[5] 靳博红. 太白高山蔬菜轻简高效轮作模式及栽培技术研究[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2018.
JIN B H.Study on briefly efficient crop rotation system and cultivation techniques of vegetables in Taebaek Mountain Region[D]. Yangling: Northwest A&F University, 2018.

[6] 伍文宪, 黄小琴, 张蕾, 等. 十字花科作物根肿病对根际土壤微生物群落的影响[J]. 生态学报, 2020, 40(5): 1532-1541.
WU W X, HUANG X Q, ZHANG L, et al. Crucifer clubroot disease changes the microbial community structure of rhizosphere soil[J]. Acta Ecologica Sinica, 2020, 40(5): 1532-1541.

[7] CHEN X L, HENRIKSEN T M, SVENSSON K, et al. Long-term effects of agricultural production systems on structure and function of the soil microbial community[J]. Applied Soil Ecology, 2020, 147: 103387.

[8] FANG Y T, REN T, ZHANG S T, et al. Rotation with oilseed rape as the winter crop enhances rice yield and improves soil indigenous nutrient supply[J]. Soil and Tillage Research, 2021, 212: 105065.

[9] 徐蕾. 不同栽培模式对白菜根际土壤生态环境及其产量品质的影响[D]. 大庆: 黑龙江八一农垦大学, 2016.
XU L. Effects of different cultivation patterns on the inter-root soil ecology of cabbage and its yield quality[D]. Daqing: Heilongjiang Bayi Agricultural University, 2016.

[10] 孙倩. 轮作模式对谷茬地作物根际土壤特性及微生物群落多样性的影响[D]. 银川: 宁夏大学, 2019.
SUN Q.Effects on rhizosphere soil properties and microbial community diversity of the millet for rotation[D]. Yinchuan: Ningxia University, 2019.

[11] 贺希格都楞, 万家悦, 杨佳敏, 等. 扫帚菜-白菜轮作对白菜镉吸收的影响[J]. 生物工程学报, 2020, 36(3): 508-517.
BAO H X G D L, WAN J Y, YANG J M, et al. Effects of *Kochia scoparia*-*Brassica rapa* rotation on Cd uptake by *Brassica rapa*[J].

Chinese Journal of Biotechnology, 2020, 36(3): 508-517.

[12] 张甘霖, 龚子同. 土壤调查实验室分析方法[M]. 北京: 科学出版社, 2012.
ZHANG G L, GONG Z T. Soil survey laboratory methods[M]. Beijing: Science Press, 2012.

[13] 周礼恺, 张志明. 土壤酶活性的测定方法[J]. 土壤通报, 1980(5): 37-38, 49.
ZHOU L K, ZHANG Z M. Determination method of soil enzyme activity[J]. Chinese Journal of Soil Science, 1980(5): 37-38, 49.

[14] 中华人民共和国国家质量监督检验检疫总局, 中国国家标准化管理委员会. 高通量基因测序技术规程: GB/T 30989-2014[S]. 北京: 中国标准出版社, 2015.
General Administration of Quality Supervision, Inspection and Quarantine of the People's Republic of China, Standardization Administration of the People's Republic of China. Technical regulation of high-throughput gene sequencing: GB/T 30989-2014[S]. Beijing: Standards Press of China, 2015.

[15] 国家市场监督管理总局, 中国国家标准化管理委员会. 个体鉴定的高通量测序方法: GB/T 37870-2019[S]. 北京: 中国标准出版社, 2019.
State Administration for Market Regulation, Standardization Administration of the People's Republic of China. High-throughput sequencing method for individual identification: GB/T 37870-2019[S]. Beijing: Standards Press of China, 2019.

[16] UPADHYAY A K, SOWDHAMINI R, PATIL V U. Bioinformatics for agriculture: high-throughput approaches[M]. Singapore: Springer, 2021.

[17] CHAO A, YANG M C K. Stopping rules and estimation for recapture debugging with unequal failure rates[J]. Biometrika, 1993, 80(1): 193-201.

[18] SHANNON C E. A mathematical theory of communication[J]. The Bell System Technical Journal, 1948, 27(3): 379-423.

[19] SIMPSON E H. Measurement of diversity[J]. Nature, 1949, 163(4148): 688.

[20] WU A L, JIAO X Y, FAN F F, et al. Effect of continuous sorghum cropping on the rhizosphere microbial community and the role of *Bacillus amyloliquefaciens* in altering the microbial composition[J]. Plant Growth Regulation, 2019, 89(3): 299-308.

[21] BENITEZ M S, EWING P M, OSBORNE S L, et al. Rhizosphere microbial communities explain positive effects of diverse crop rotations on maize and soybean performance[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2021, 159: 108309.

[22] BARBIERI P, PELLERIN S, SEUFERT V, et al. Changes in crop rotations would impact food production in an organically farmed world[J]. Nature Sustainability, 2019, 2(5): 378-385.

[23] BOWLES T M, JILLING A, MORÁN-RIVERA K, et al. Crop rotational complexity affects plant-soil nitrogen cycling during water deficit[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2022, 166: 108552.

[24] 范庆锋, 张玉龙, 陈重. 保护地蔬菜栽培对土壤盐分积累及pH值的影响[J]. 水土保持学报, 2009, 23(1): 103-106.
FAN Q F, ZHANG Y L, CHEN C. Effects of protected field vegetable cultivation on soil salinity accumulating and pH[J]. Journal of Soil and Water Conservation, 2009, 23(1): 103-106.

- [25] 刘会芳, 韩宏伟, 王强, 等. 不同蔬菜与番茄轮作对设施土壤微生物多样性、酶活性及土壤理化性质的影响[J]. 微生物学报, 2021, 61(1): 167-182.
- LIU H F, HAN H W, WANG Q, et al. Effect of vegetables-tomato rotation on soil microbial diversity, enzyme activity and physicochemical properties of vegetables in greenhouse[J]. Acta Microbiologica Sinica, 2021, 61(1): 167-182.
- [26] BENDING G D, TURNER M K, JONES J E. Interactions between crop residue and soil organic matter quality and the functional diversity of soil microbial communities[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2002, 34(8): 1073-1082.
- [27] 宋长青, 吴金水, 陆雅海, 等. 中国土壤微生物学研究 10 年回顾[J]. 地球科学进展, 2013, 28(10): 1087-1105.
- SONG C Q, WU J S, LU Y H, et al. Advances of soil microbiology in the last decade in China[J]. Advances in Earth Science, 2013, 28(10): 1087-1105.
- [28] 郑立伟, 赵阳阳, 王一冰, 等. 不同连作年限甜瓜种植土壤性质和微生物多样性[J]. 微生物学通报, 2022, 49(1): 101-114.
- ZHENG L W, ZHAO Y Y, WANG Y B, et al. Soil properties and microbial diversity in the muskmelon fields after continuous cropping for different years[J]. Microbiology China, 2022, 49(1): 101-114.
- [29] 尹晓雷, 李先德, 林少颖, 等. 不同轮作模式下土壤细菌群落特征及其对土壤全碳、全氮与温室气体释放潜力影响[J]. 环境科学学报, 2021, 41(12): 5161-5173.
- YIN X L, LI X D, LIN S Y, et al. Effects of soil bacterial community characteristics on total carbon and total nitrogen contents and greenhouse gas emission potential under different rotation patterns[J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2021, 41(12): 5161-5173.
- [30] 李峰, 郑扬, 唐艺欣, 等. 一种贪铜菌及贪铜菌制剂和贪铜菌制剂在重金属污染土壤修复中的应用: CN201810855138.8[P]. 2018-12-21.
- LI F, ZHENG Y, TANG Y X, et al. A copper-craving bacterium and copper-craving bacterium preparation and copper-craving bacterium preparation in the remediation of heavy metal contaminated soil: CN201810855138.8[P]. 2018-12-21.
- [31] YANG L, TAN L L, ZHANG F H, et al. Duration of continuous cropping with straw return affects the composition and structure of soil bacterial communities in cotton fields[J]. Canadian Journal of Microbiology, 2018, 64(3): 167-181.
- [32] CHEN W, TENG Y, LI Z G, et al. Mechanisms by which organic fertilizer and effective microbes mitigate peanut continuous cropping yield constraints in a red soil of south China[J]. Applied Soil Ecology, 2018, 128: 23-34.
- [33] 王海英, 张利平. 粘细菌: 一类重要的微生物资源[J]. 微生物学通报, 2003(2): 115-116.
- WANG H Y, ZHANG L P. Mucor bacteria: an important class of microbial resources[J]. Microbiology China, 2003(2): 115-116.
- [34] LUO Y T, PANG J L, LI C H, et al. Long-term and high-bioavailable potentially toxic elements (PTEs) strongly influence the microbiota in electroplating sites[J]. Science of the Total Environment, 2022, 814: 151933.
- [35] 汪辉, 周长林. 盐单胞菌 *Halomonas*-GY1 的分离鉴定与活性产物的研究[J]. 药学进展, 2005, 29(6): 266-270.
- WANG H, ZHOU C L. Isolation and identification of a strain of *Halomonas* and research on activities of its product[J]. Progress in Pharmaceutical Sciences, 2005, 29(6): 266-270.
- [36] 王新, 周艳艳, 郑天凌. 海洋细菌生态学的若干前沿课题及其研究新进展[J]. 微生物学报, 2010, 50(3): 291-297.
- WANG X, ZHOU Y Y, ZHENG T L. Recent advances in marine bacterial ecology—a review[J]. Acta Microbiologica Sinica, 2010, 50(3): 291-297.
- [37] MOLINA-SANTIAGO C, PEARSON J R, NAVARRO Y, et al. The extracellular matrix protects *Bacillus subtilis* colonies from *Pseudomonas* invasion and modulates plant co-colonization[J]. Nature Communications, 2019, 10(1): 1919.
- [38] WANG G, WANG Y X, JI F, et al. Biodegradation of deoxynivalenol and its derivatives by *Deosia insulae* A16[J]. Food Chemistry, 2019, 276: 436-442.
- [39] 阳祥, 李先德, 刘吉龙, 等. 不同轮作模式的土壤真菌群落结构及功能特征分析[J]. 环境科学学报, 2022, 42(4): 432-442.
- YANG X, LI X D, LIU J L, et al. Analysis on the structure and function of soil fungi community in different crop rotation modes[J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2022, 42(4): 432-442.
- [40] 刘亚军, 王文静, 王红刚, 等. 作物轮作对甘薯田土壤微生物群落的影响[J]. 作物杂志, 2021(6): 122-128.
- LIU Y J, WANG W J, WANG H G, et al. Effects of crop rotation on soil microbial community in sweet potato field[J]. Crops, 2021(6): 122-128.
- [41] 陈宝明. 蔬菜硝态氮临界含量及其影响因素[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2002.
- CHEN B M. Critical nitrate-N concentration in vegetables and influencing factors[D]. Yangling: Northwest A&F University, 2002.
- [42] 杜雷, 王素萍, 张利红, 等. 氮素形态对红菜薹根际和非根际土壤微生物数量及产量的影响[J]. 湖北农业科学, 2016, 55(12): 3021-3025.
- DU L, WANG S P, ZHANG L H, et al. Effects of nitrogen forms on the microorganisms quantity in rhizosphere and non-rhizosphere soil and yield of purple-caitai[J]. Hubei Agricultural Sciences, 2016, 55(12): 3021-3025.