

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.
DOI: 10.13300/j.cnki.hnlkxb.2023.02.018

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

刘福童¹,李茂森¹,闫超超²,彭智良²,姜亚历²,
黄金辉²,张永峰²,任天宝¹,刘国顺¹

1. 河南农业大学烟草学院/河南省生物炭研究工程技术中心, 郑州 450002;
2. 陕西省烟公司草商洛市公司, 商洛 726000

摘要 为探究不同连作条件下烤烟土壤微生物群落结构变化特征及驱动因素,对秦岭腹地商洛地区连作Y1(烤烟种植1 a)、Y2(烤烟连作3 a)、Y3(烤烟连作5 a)和Y4(烤烟连作7 a)4种不同年份的植烟土壤进行了微生物生物量碳、微生物生物量氮、微生物多样性、群落结构变化及驱动因素的分析。结果显示:植烟土壤微生物生物量碳、氮和碳氮比随着种植年限的增加而减少,下降幅度分别为37.16%、20.40%和21.10%。土壤中细菌丰富度和多样性显著减少,其优势菌门为放线菌门、变形菌门、绿弯菌门、酸杆菌门和厚壁菌门,其相对丰度总和占比在80%及以上。在土壤中真菌丰富度显著增加,其优势菌门为子囊菌门、担子菌门和毛霉菌门,其相对丰度总和占比在90%及以上。在Y4连作条件下,土壤有益微生物门水平上相对丰度减少,如厚壁菌门和脱硫菌门,致病微生物门水平上相对丰度增加,如毛霉菌门和壶菌门。长期连作会导致土壤有益微生物相对丰度减少、致病微生物相对丰度增加、土壤微生物生物量碳氮比下降,进而增加烟株病害风险。因此,建立良好的耕作制度或构建微生物群落是缓解或解决连作烟田微生物群落结构失衡的关键技术途径。

关键词 烤烟; 植烟土壤; 连作障碍; 微生物群落; 驱动因素

中图分类号 S572.062 **文献标识码** A **文章编号** 1000-2421(2023)02-0139-08

连作是指在同一块土地上连续种植同一种作物两茬及以上的栽培措施。连作障碍是指土地连作后,即便有专业人员对作物进行栽培管理,也会出现产质量降低、病虫害加剧的现象^[1]。连作障碍是农业生产中面临的一个严重问题^[2]。连作障碍是土壤内部多种因素相互作用的综合表现,最终影响作物的生长发育及产量、品质^[3],目前认为造成连作障碍的主要因素有土壤养分失调、理化性质劣变^[4]、土壤微生物群落改变、自毒作用及化感作用^[5]。

微生物群落结构对维持土壤结构、有机物质降解、物质和能量循环等方面起着重要的作用^[6-7]。微生物群落直接影响土壤功能的发挥,进而影响作物的生长发育^[8-9]。已有大量的研究表明,连作会对土壤微生物群落结构产生显著影响,如刘传和等^[10]在

研究菠萝连作土壤中发现,随着种植年限的增加,土壤中细菌丰度显著降低,真菌丰度增加。刘诗蓉等^[11]发现,半夏土壤中微生物多样性随着连茬次数的增加而降低。王春燕等^[12]在研究压砂西瓜连作中发现,连作时间显著影响土壤中pH、养分含量及微生物群落结构。Li M等^[13]研究表明,甜菜连作后土壤组成和细菌群落结构发生显著变化。Li Y等^[14]研究发现,茶树连作改变了土壤真菌中真菌群落结构,减少了共生真菌。

商洛烟区位于秦岭腹地,烟草是当地重要的经济作物,已经有40 a种植历史。近年来由于受土地资源短缺和其他经济作物种植面积影响,烤烟种植出现了十分普遍的连作现象。连作引发的烟叶产量和品质下降等问题日益加重,也是目前我国烟草种

收稿日期: 2022-04-30

基金项目:河南省重点研发计划项目(222102110178);陕西省烟草科技攻关项目(2021611000270042);河南青年骨干教师资助项目(2020GGJS047)

刘福童, E-mail: liuft99@126.com

通信作者: 任天宝, E-mail: biochar2018@henau.edu.cn; 张永峰, E-mail: Zhangyf@163.com

植区面临的共性问题。研究表明,土壤细菌是土壤养分循环的重要驱动者^[15],真菌则是引发土传病害的主要原因^[16]。微生物群落和功能是评价土壤健康的关键指标,本研究采用高通量测序对商洛地区不同连作条件的植烟土壤微生物进行测定,结合土壤基础养分,分析连作条件下植烟土壤微生物群落结构变化特征及驱动因素,以期为我国烟草、中草药等经济作物连作障碍治理提供理论参考。

1 材料与方法

1.1 研究区域概况

试验地位于商洛市洛南县,属于温带季风气候,土壤类型为黄褐土,日照时数1 860~2 130 h,年平均气温不足12℃,无霜期206~210 d,洛南全年 $\geq 10^\circ\text{C}$ 的有效积温不足3 200℃,洛南烟草生长期历年均温不足21.5℃。该区雨量较为充沛,烟区年平均降雨量688.82 mm,烟草生育期降雨量546.1 mm。海拔、温度、无霜期、积温度和降雨量均满足烤烟的生长发育。

1.2 样品采集

样品采集于2021年烟苗移栽和施肥前,根据当地种烟情况,采集1 a(Y1)、3 a(Y2)、5 a(Y3)和7 a(Y4)4种不同连作年限下的土壤,按照五点取样法取耕作层(0~20 cm)土壤,将采集的样品按照四分法混合后分为2份,一份去除杂质后,保存在10 mL无菌离心管中,对土壤进行微生物群落检测;另一份在避光条件下自然风干,进行植烟土壤基础养分分析。

1.3 测定方法

1) 植烟土壤基础养分的测定。土壤有机质、全

氮、有效磷、速效钾和pH测定方法参照文献^[17]进行,微生物生物量碳氮采用熏蒸法测定。

2) 土壤微生物群落结构测定。采用E.Z.N.A.[®]Soil试剂盒提取土壤DNA,进行PCR扩增,利用超微量分光光度计NanoDrop2000检测DNA纯度,检测合格后用338F(5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCAG-3')和806R(5'-GGACTACNNGGGTATCTAAT-3')对细菌V3~V4可变区进行PCR扩增^[18],用SSU0817F(5'-TTAGCATGGAATAATRRAATAGGA-3')和1196R(5'-TCTGGACCTGGTGAGTTTCC-3')引物对真菌V5~V7可变区进行PCR扩增。用2%琼脂糖胶回收PCR产物,混合后送IlluminaMiSeq平台进行基因序列测定^[19]。

1.4 数据处理

运用SPSS25.0、DPS7.5、Origin 2020和Photoshop 2019对测得数据进行处理、统计、分析以及作图。

2 结果与分析

2.1 不同连作条件对土壤基础养分及微生物生物量碳、氮的影响

从表1中可以看出,土壤养分含量和pH随着种植时间的增加,呈现下降的趋势;土壤有机质含量在Y2(种植3 a)和Y3(种植5 a)间减幅最大,达到12.57%,土壤全氮含量在Y1(种植1 a)和Y4(种植7 a)之间减幅最大,达到16.21%,土壤有效磷含量在Y2(种植3 a)和Y3(种植5 a)之间减幅最大,达到40.36%,土壤速效钾含量在Y3(种植5 a)和Y4(种植7 a)之间减幅最大,达到25.55%,土壤pH在Y3(种植5 a)和Y4(种植7 a)之间减幅最大,达到16.42%。

表1 不同连作条件下植烟土壤基础养分

Table 1 Basic nutrients of tobacco planting soil under different continuous cropping conditions

处理 Treatments	有机质/(g/kg) Organic matter	全氮/(g/kg) Total nitrogen	有效磷/(mg/kg) Available phosphorus	速效钾/(mg/kg) Available potassium	pH
Y1	17.10±0.265a	1.11±0.043a	25.00±0.500a	177.00±2.646a	8.1±0.26a
Y2	16.70±0.173a	0.93±0.026b	22.30±0.917b	163.00±4.583b	7.5±0.26b
Y3	14.60±0.361b	0.78±0.036c	13.30±0.173c	137.00±4.359c	6.7±0.20c
Y4	13.10±0.265c	0.66±0.026d	11.00±1.136c	102.00±3.606d	5.6±0.17d

从表2中可以看出,土壤微生物生物量碳、氮和碳氮比随着种植时间的增加呈现下降的趋势,减幅分别为37.16%、20.40%和21.10%,其中土壤微生物生物量碳在Y3(种植5 a)和Y4(种植7 a)减幅最大,达到16.28%,土壤微生物生物量氮在Y2(种植3 a)和Y3(种植5 a)减幅最大,达到9.77%,土壤微生物生物量碳氮比在Y1(种植1 a)和Y2(种植3 a)减幅最

大,达到9.29%。

2.2 不同连作条件对土壤微生物的影响

1) 不同连作条件对土壤微生物群落 α 多样性的影响。对土壤样本进行细菌检测,共获得有效序列752 542条。样品覆盖度在0.97以上,测序数据量合理。依据97%序列相似性对所测序列进行聚类分析,样本平均OTU数为4 117.75(图1A)。从细菌 α

表 2 不同连作条件下植烟土壤微生物生物量碳氮

Table 2 Microbial biomass carbon and nitrogen in tobacco growing soil under different continuous cropping conditions

处理 Treatments	微生物生物量碳/(mg/kg) Microbial biomass carbon	微生物生物量氮/(mg/kg) Microbial biomass nitrogen	微生物生物量碳氮比 Microbial biomass carbon to nitrogen ratio
Y1	224.70±4.475a	17.11±0.140a	13.13±0.369a
Y2	195.05±4.577b	16.37±0.230b	11.91±0.113b
Y3	168.63±3.081c	14.77±0.189c	11.41±0.066c
Y4	141.18±1.929d	13.62±0.085d	10.36±0.094d

多样性指数得出,随着连作时间的增加,土壤中细菌多样性呈现下降趋势,细菌丰富度呈现凸形趋势,且不同连作条件下其多样性和丰富度具有显著性差异(表 3),说明连作对土壤细菌群落结构具有显著影响。

对土壤样本进行真菌检测,共获得有效序列 543 208

条。样品覆盖度在 0.99 以上,依据 97% 序列相似性对所测序列进行聚类分析,样本平均 OTU 数为 226 (图 1B)。从真菌 α 多样性指数得出,土壤中真菌丰富度随着连作时间的增加,呈现增加的趋势,且丰富度在不同连作条件下具有显著差异,而对真菌多样性影响较小(表 3)。

表 3 植烟土壤微生物多样性指数

Table 3 Microbial diversity index of tobacco planting soil

项目 Items	香农指数 Shannon index	辛普森指数 Simpson index	ACE 指数 ACE index	Chao 指数 Chao index	覆盖度 Coverage	
细菌 Bacteria	Y1	6.760±0.089a	0.004±0.002 1b	4 242.730±105.853a	4 233.920±62.613b	0.975±0.002 4b
	Y2	6.600±0.054b	0.006±0.000 9b	4 474.210±200.425a	4 514.430±201.884a	0.974±0.001 9b
	Y3	6.230±0.045c	0.010±0.018 8a	3 768.090±115.982b	3 769.870±74.742c	0.975±0.001 8b
	Y4	6.230±0.114c	0.006±0.0008 b	3 334.660±31.946c	3 361.950±86.450d	0.976±0.003 4a
真菌 Fungi	Y1	3.120±0.384a	0.100±0.066 5a	177.850±14.485c	177.140±15.597c	0.999±0.000 1a
	Y2	3.080±0.066a	0.095±0.016 2a	186.410±5.716bc	189.570±7.433bc	0.999±0.000 1a
	Y3	3.130±0.093a	0.094±0.005 2a	205.990±13.073ab	206.810±13.057ab	0.999±0.000 1b
	Y4	3.020±0.217a	0.103±0.031 9a	207.690±6.385a	212.050±3.564a	0.999±0.000 1a

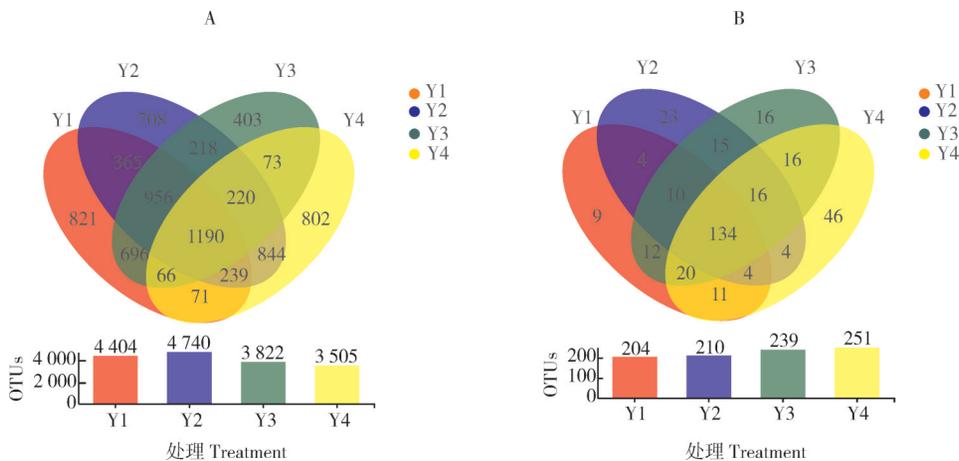


图 1 植烟土壤细菌 OTUs(A)和真菌 OTUs(B)

Fig.1 Bacterial OTUs (A) and fungal OTUs (B) in tobacco growing soil

2)不同连作条件对土壤微生物群落组成的影响。微生物群落组成测定结果显示,样本中门水平上共获得细菌群落 42 个(图 2A),不同连作条件下烤烟土壤中细菌优势菌门为放线菌门、变形菌门、绿弯菌门、酸杆菌门和厚壁菌门,Y1 条件下相对丰度分别

为 26.36%、17.00%、14.62%、16.00% 和 7.28%; Y2 条件下相对丰度分别为 36.70%、17.24%、14.16%、10.98 和 5.12%; Y3 条件下相对丰度分别为 38.73%、16.48%、17.88%、11.01% 和 2.71%; Y4 条件下相对丰度分别为 34.32%、21.49%、10.78%、9.85% 和

5.09%。

所用样本中门水平上共获得真菌群落23个(图2B),不同连作条件下烤烟土壤中真菌优势菌门为子囊菌门、担子菌门、毛霉菌门、unclassified_k_fungi和SAR_k_norank, Y1条件下相对丰度分别为69.68%、27.52%、0.78%、0.53%和1.01%; Y2条件下相对丰度分别为65.79%、31.15%、0.92%、1.48%和0.27%; Y3条件下相对丰度分别为63.86%、31.66%、1.49%、1.40%和0.90; Y4条件下相对丰度分别为75.96%、4.09%、14.59%、2.91%和0.93%。

3) 土壤基础养分对微生物群落的影响。基于RDA分析研究土壤基础养分与微生物群落之间的关

系,结果显示,在不同连作条件下烤烟土壤细菌中, RDA1和RDA2分别解释了36.54%和16.05%细菌群落变量(图3A),土壤有机质、全氮、有效磷、速效钾和pH显著影响细菌群落组成,其中P值分别为0.001、0.003、0.012、0.008和0.002,对细菌群落结构的解释度分别为12.18%、18.57%、25.71%、25.71%和13.41%。在不同连作条件下烤烟土壤真菌中, RDA1和RDA2对真菌群落变量分别解释了45.85%和8.46%(图3B),土壤有效磷和速效钾是影响真菌群落组成的主要因素,其中P值分别为0.021和0.022,对群落结构的解释度分别为42.16%和39.20%。

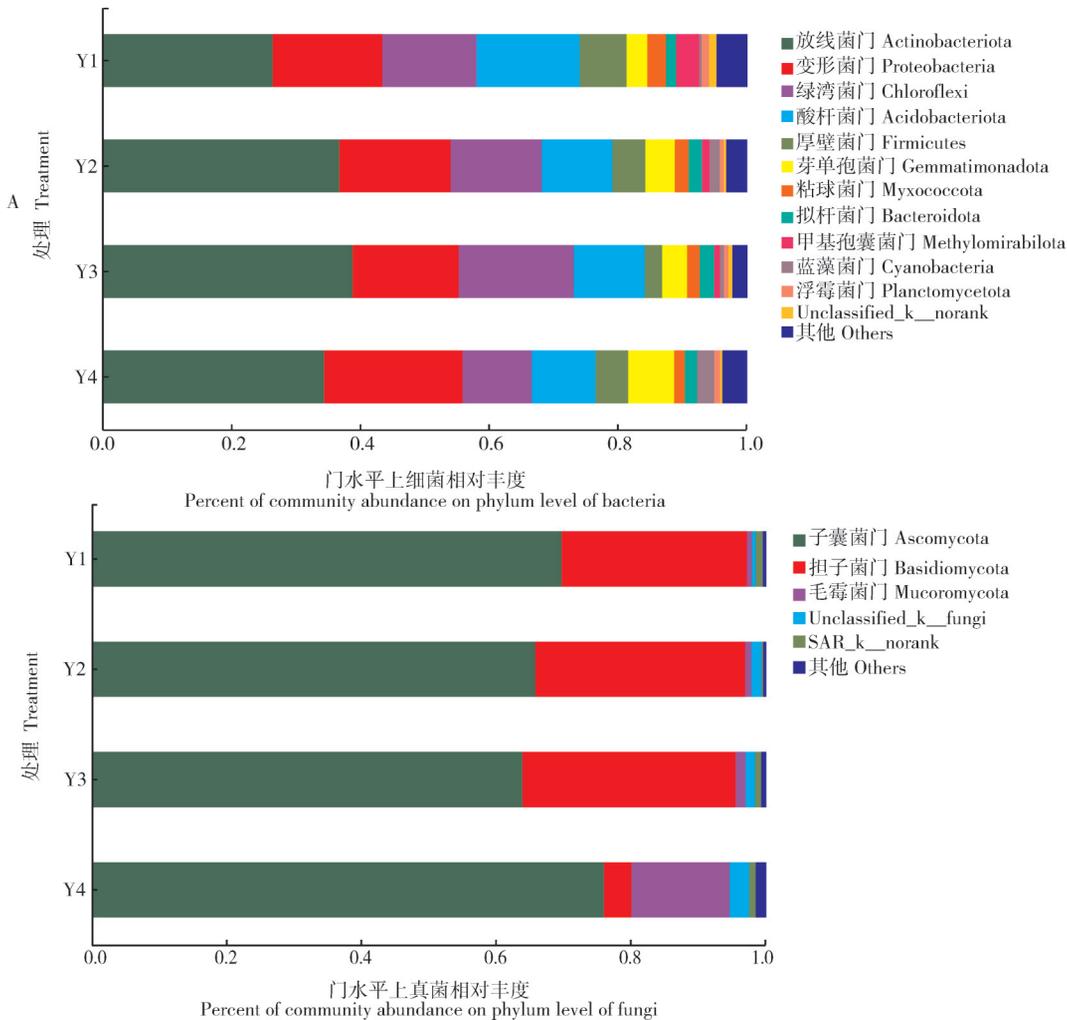


图2 植烟土壤门水平上细菌相对丰度(A)和真菌相对丰度(B)

Fig.2 Relative abundance of bacteria (A) and fungi (B) at the level of tobacco planting soil gate

4)不同连作条件下土壤微生物群落线性判别分析。利用LEfSe分析(linear discriminant analysis effect size)筛选出不同连作条件下烤烟土壤中具有显著差异的微生物种类(LDA阈值为2),结果显示,厚

壁菌门、甲基孢囊菌门和粘球菌门等菌门在Y1连作条件下显著富集(图4A)。毛霉菌门、Aphelidea、壶菌门和芽枝霉门等菌门在Y4连作条件下显著富集(图4B)。

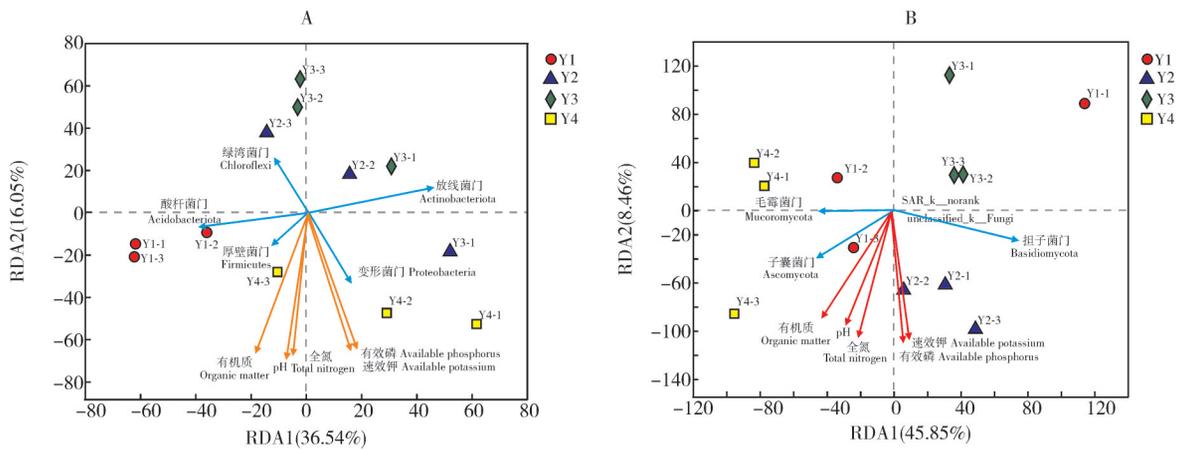


图 3 土壤基础养分与细菌(A)和真菌(B)群落组成的RDA分析

Fig. 3 RDA analysis of soil basic nutrients and bacterial (A) and fungal (B) community composition

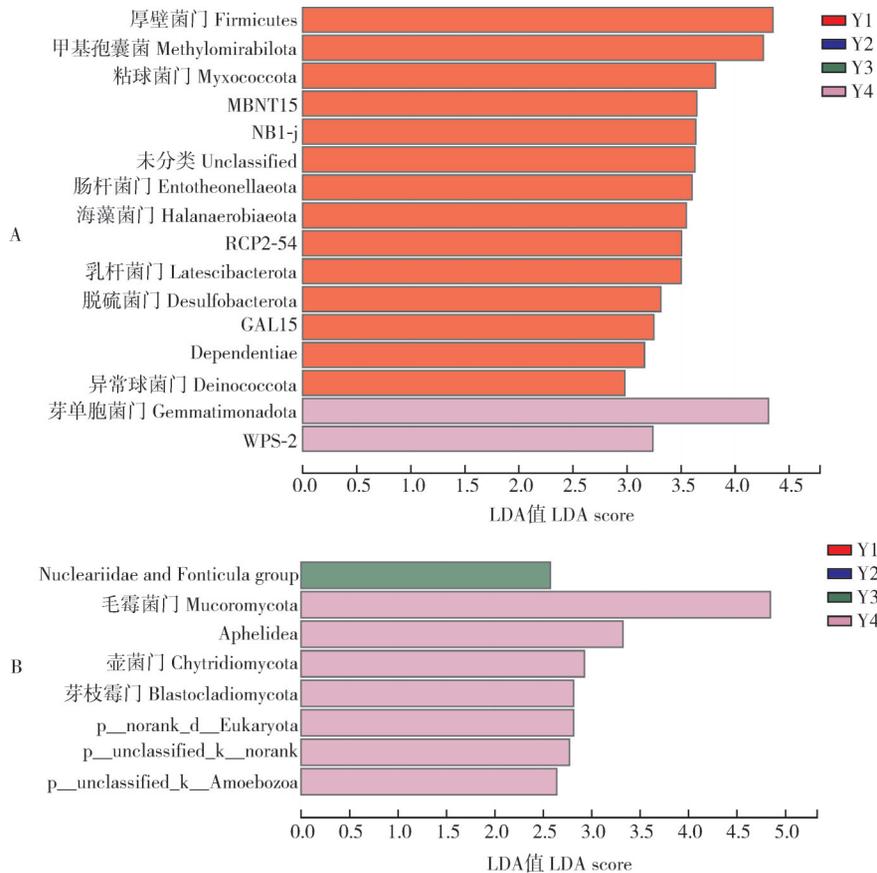


图 4 植烟土壤细菌(A)和真菌群落(B)LEfSe分析

Fig. 4 LEfSe analysis of bacterial community (A) and fungus (B) in tobacco planting soil

3 讨论

3.1 不同连作条件下土壤理化特性

土壤养分含量会随着种植制度、人为调节、土壤类型等条件的不同而产生较大的差异^[20]。研究表明,随着连作条件的变化,土壤中物质组成、化学成分和物理特性会产生较大的差异,进而造成土壤基础养分和pH的变化。

烤烟对土壤酸碱度的适应能力较强,在pH 4~9的土壤环境中均能生长^[18]。本研究结果表明,土壤pH值随着烤烟土壤连作时间的增加而呈现下降的趋势。白羽祥等^[21]研究发现,植烟土壤pH随着连作时间的增加而逐渐降低,在本研究中得到了印证。因此,在当地烟叶种植过程中,应注意调控土壤pH。在菠萝^[22]和甜瓜^[23]上的研究表明,土壤中有机质、全

氮、有效磷和速效钾在不同连作年限下其含量不同,这与杜杏蓉等^[24]对植烟土壤的研究结果一致。氮素是影响烟叶产量和质量的主要因素之一,而土壤有机质和全氮含量是衡量烟叶吸收氮素能力的指标^[19]。因此,连作年限的增加会导致烟株吸收氮素减少,最终影响烟叶的产量和质量。本研究中烤烟土壤有效磷含量和速效钾含量随着种植时间的增加逐渐减少,这与郑立伟等^[23]的研究结果一致。可能是由于土壤团粒结构随着烤烟土壤连作时间的增加而逐渐遭到破坏,造成土壤对养分的吸附能力减弱,增加了土壤养分的流失,导致土壤养分含量下降。因此,土壤pH变化和土壤养分失衡是导致土壤理化性质恶化的主要原因^[25-26]。

3.2 不同连作条件下土壤微生物群落组成及多样性

本研究结果表明,连作条件对土壤细菌多样性影响较大,Y1条件下的细菌多样性最高,Y2条件下的细菌丰富度最高,Y3和Y4相比于Y1和Y2连作条件下,细菌丰富度和多样性均显著降低;不同连作条件对土壤真菌多样性影响较小,对真菌丰富度影响较大,其中,Y3和Y4相比于Y1和Y2,真菌丰富度显著增加。连作会导致土壤中微生物群落结构发生变化,与前人研究结果相印证^[17,27]。

土壤微环境的健康和功能是微生物群落繁殖生长的重要因素,不同的栽培模式对土壤微环境的影响不同,进而改变土壤微生物群落结构^[23]。在土壤细菌中,有机质、全氮、有效磷、速效钾和pH均显著影响细菌群落组成,厚壁菌门和变形菌门与土壤基础养分呈正相关^[28];酸杆菌门与土壤有机质、pH和全氮呈正相关,与有效磷和速效钾呈负相关;绿弯菌门和放线菌门与土壤基础养分呈负相关。土壤真菌中,有效磷和速效钾是影响真菌群落组成的主要因素,子囊菌门与土壤速效磷和速效钾呈正相关;毛霉菌门与有效磷和速效钾呈负相关;担子菌门与有效磷和速效钾呈正相关。

3.3 不同连作条件下土壤微生物群落结构驱动因素

烤烟土壤细菌主要在Y1连作条件下富集,包含厚壁菌门、甲基孢囊菌门、粘球菌门、海藻菌门和脱硫菌门等菌门,厚壁菌门主要参与土壤中有机质分解和碳水化合物代谢^[29],以及可产出多种抗生素,其相对丰度可表征根系对土壤病原的抵抗能力^[30],脱硫菌门主要作用于硫循环^[31],对土壤酸化具有一定的缓解作用。真菌主要在Y4连作条件下富集,包含毛霉菌门、Aphelidea、壶菌门和芽枝霉门等菌门,毛

霉菌门是引起毛霉菌病的主要菌门^[32],其相对丰度可表征毛霉菌侵染烟草的程度,在田间不易发现,在烘烤阶段容易诱发引起烟叶腐烂发霉,壶菌门主要以寄生为主,对植物直接的影响较小,但它的孢子是土壤传播病毒的介体。因此,植烟土壤长期连作会导致土壤养分含量和pH值的逐渐降低,微生物群落结构失调,有益微生物相对丰度减少和致病微生物相对丰度增加,进而增加烟叶病害风险。

综上,不同连作条件下植烟土壤养分和微生物存在差异,随着种植年限的增加,土壤养分逐渐下降,微生物结构失调,细菌多样性和丰富度下降,真菌丰富度增加,土壤中有益菌相对丰度下降,如厚壁菌门和脱硫菌门,致病菌相对丰度增加,如毛霉菌门和壶菌门。因此,建立良好的耕作制度或构建微生物群落是缓解或解决连作烟田微生物群落结构失衡的关键技术途径。

参考文献 References

- [1] 崔汝菲,李泰,王宇光.连作模式下甜菜土壤微生物研究进展[J].中国农学通报,2022,38(2):1-6.CUI R F, LI T, WANG Y G. Research progress of sugarbeet soil microorganisms under continuous cropping mode [J]. Chinese agronomy bulletin, 2022, 38(2): 1-6 (in Chinese with English abstract).
- [2] 王立光,叶春雷,陈军,等.胡麻连作对土壤细菌群落的影响[J].干旱地区农业研究,2022,40(1):70-75.WANG L G, YE C L, CHEN J, et al. Effects of continuous flax cropping on soil bacterial community [J]. Agricultural research in arid areas, 2022, 40(1): 70-75 (in Chinese with English abstract).
- [3] 侯乾,王万兴,李广存,等.马铃薯连作障碍研究进展[J].作物杂志,2019(6):1-7.HOU Q, WANG W X, LI G C, et al. Research progress of potato continuous cropping obstacle [J]. Journal of crops, 2019(6): 1-7 (in Chinese with English abstract).
- [4] 高嵩,孙文松,温健,等.连作龙胆草根际土壤细菌多样性及功能预测分析[J].沈阳农业大学学报,2021,52(1):102-108.GAO S, SUN W S, WEN J, et al. Prediction and analysis of bacterial diversity and function in rhizosphere soil of continuous cropping *Gentiana* [J]. Journal of Shenyang Agricultural University, 2021, 52(1): 102-108 (in Chinese with English abstract).
- [5] 王瑞,董林林,徐江,等.基于病虫害综合防治的人参连作障碍消减策略[J].中国中药杂志,2016,41(21):3890-3896.WANG R, DONG L L, XU J, et al. Obstacle reduction strategy of continuous cropping of ginseng based on integrated pest control [J]. Chinese journal of traditional Chinese medicine, 2016, 41(21): 3890-3896 (in Chinese with English abstract).
- [6] ALAMI M M, XUE J, MA Y, et al. Structure, function, diversity, and composition of fungal communities in rhizospheric soil of *Coptis chinensis* franch under a successive cropping system [J/OL]. Plants, 2020, 9(2): 244 [2022-04-30]. <https://doi.org/10.3390/plants9020244>.
- [7] LI S, JUSHENG G, TING H, et al. Parental material and cultivation determine soil bacterial community structure and fertility [J]. FEMS microbiology ecology, 2015, 91(1): 1-10.

- [8] 纳小凡, 郑国琦, 彭励, 等. 不同种植年限宁夏枸杞根际微生物多样性变化[J]. 土壤学报, 2016, 53(1): 241-252. NA X F, ZHENG G Q, PENG L, et al. Changes of microbial diversity in rhizosphere of *Lycium barbarum* in Ningxia at different planting years [J]. Journal of soil, 2016, 53(1): 241-252 (in Chinese with English abstract).
- [9] 叶雯, 李永春, 喻卫武, 等. 不同种植年限香榧根际土壤微生物多样性[J]. 应用生态学报, 2018, 29(11): 3783-3792. YE W, LI Y C, YU W W, et al. Microbial diversity in rhizosphere soil of *Torreya grandis* in different planting years [J]. Journal of applied ecology, 2018, 29(11): 3783-3792 (in Chinese with English abstract).
- [10] 刘传和, 贺涵, 何秀古, 等. 菠萝不同连作年限对土壤理化性状和微生物群落丰度的影响[J]. 土壤, 2021, 53(6): 1244-1249. LIU C H, HE H, HE X G, et al. Effects of different continuous cropping years of pineapple on soil physical and chemical properties and microbial community abundance [J]. Soil, 2021, 53(6): 1244-1249 (in Chinese with English abstract).
- [11] 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. LIU S R, WANG H L, SUN H, et al. Effects of continuous cropping of *Pinnellia ternata* on rhizosphere soil microbial community [J]. Chinese herbal medicine, 2022, 53(4): 1148-1155 (in Chinese with English abstract).
- [12] 王春燕, 李晓炜, 张雯莉, 等. 压砂西瓜连作土壤生物学特性和理化性质变化[J]. 兰州大学学报(自然科学版), 2021, 57(5): 659-664, 674. WANG C Y, LI X W, ZANG W L, et al. Changes of soil biological characteristics and physical and chemical properties of sand watermelon continuous cropping [J]. Journal of Lanzhou University (natural science edition), 2021, 57(5): 659-664, 674 (in Chinese with English abstract).
- [13] LI M, YANG F, WU X, et al. Effects of continuous cropping of sugar beet (*Beta vulgaris* L.) on its endophytic and soil bacterial community by high-throughput sequencing[J/OL]. Annals of microbiology, 2020, 70(1): 93 [2022-04-30]. <https://doi.org/10.1186/s13213-020-01583-8>.
- [14] LI Y, LI Z, ARAFAT Y, et al. Studies on fungal communities and functional guilds shift in tea continuous cropping soils by high-throughput sequencing[J/OL]. Annals of microbiology, 2020, 70:7[2022-04-30]. <https://doi.org/10.1186/s13213-020-01555-y>.
- [15] CASTRILLO G, TEIXEIRA P J P L, PAREDES S H, et al. Root microbiota drive direct integration of phosphate stress and immunity[J]. Nature, 2017, 543(7646): 513-518.
- [16] 商鸿生. 现代植物免疫学[M]. 北京: 中国农业出版社, 2013. SHANG H S. Modern plant immunology [M]. Beijing: China Agriculture Press, 2013 (in Chinese).
- [17] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 3版. 北京: 中国农业出版社, 2000. BAO S D. Soil agrochemical analysis [M]. 3rd ed. Beijing: China Agriculture Press, 2000 (in Chinese).
- [18] 冯慧琳, 付兵, 任天宝, 等. 生物炭对青枯病烟株的根际土壤微生物群落结构调控机制分析[J]. 农业资源与环境学报, 2022, 39(1): 173-181. FENG H L, FU B, REN T B, et al. Analysis on the regulation mechanism of biochar on rhizosphere soil microbial community structure of bacterial wilt tobacco plants [J]. Journal of agricultural resources and environment, 2022, 39(1): 173-181 (in Chinese with English abstract).
- [19] 李茂森, 王丽渊, 杨波, 等. 生物炭对烤烟成熟期根际真菌群落结构的影响及功能预测分析[J/OL]. 农业资源与环境学报, 2022, 1-12 [2022-09-22]. DOI: 10.13254/j.jare.2021.0318. LI M S, WANG L Y, YANG B, et al. Effect of biochar on Rhizosphere fungal community structure and function prediction of flue-cured tobacco at maturity [J/OL]. Journal of agricultural resources and environment, 2022: 1-12 [2022-04-30]. DOI: 10.13254/j.jare.2021.0318 (in Chinese with English abstract).
- [20] 胡国松, 郑伟, 王震东, 等. 烤烟营养原理[M]. 北京: 科学出版社, 2000. HU G S, ZHENG W, WANG Z D, et al. Nutritional principle of flue-cured tobacco [M]. Beijing: Science Press, 2000 (in Chinese).
- [21] 白羽祥, 蔺志龙, 邓小鹏, 等. 基于逐步回归模型的连作植烟土壤化学性状和酶活性关系分析[J]. 南方农业学报, 2018, 49(12): 2387-2393. BAI Y X, LIN Z L, DENG X P, et al. Analysis on the relationship between chemical properties and enzyme activity of continuous cropping tobacco soil based on stepwise regression model [J]. Journal of southern agriculture, 2018, 49(12): 2387-2393 (in Chinese with English abstract).
- [22] 程云飞, 李炳韵, 胡英宏, 等. 不同连作年限对菠萝园土壤养分及可培养微生物数量的影响[J]. 热带生物学报, 2021, 12(2): 185-191. CHENG Y F, LI B Y, HU Y H, et al. Effects of different continuous cropping years on soil nutrients and the number of culturable microorganisms in pineapple orchard [J]. Journal of tropical biology, 2021, 12(2): 185-191 (in Chinese with English abstract).
- [23] 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 of melon planting in different continuous cropping years [J]. Bulletin of microbiology, 2022, 49(1): 101-114 (in Chinese with English abstract).
- [24] 杜杏蓉, 李运国, 邓小鹏, 等. 连作对不同种植烟土壤化学性状、酶活性及细菌群落的影响[J]. 中国烟草科学, 2021, 42(5): 30-35. DU X R, LI Y G, DENG X P, et al. Effects of continuous cropping on chemical properties, enzyme activity and bacterial community of different types of tobacco planting soil [J]. China tobacco science, 2021, 42(5): 30-35 (in Chinese with English abstract).
- [25] SAMADI A, DOVLATI B, BARIN M. Effect of continuous cropping on potassium forms and potassium adsorption characteristics in calcareous soils of Iran [J]. Soil research, 2008, 46(3): 265-272.
- [26] TSADILAS C D. Soil pH influence on cadmium uptake by tobacco in high cadmium exposure [J]. Journal of plant nutrition, 2000, 23(8): 1167-1178.
- [27] ZHAO Y, MAO X, ZHANG M, et al. Response of soil microbial communities to continuously mono-cropped cucumber under greenhouse conditions in a calcareous soil of north China [J]. Journal of soils and sediments, 2020, 20: 2446-2459.
- [28] 敖金成, 李博, 阎凯, 等. 连作对云南典型烟区植烟土壤细菌群落多样性的影响[J]. 农业资源与环境学报, 2022, 39(1): 46-54. AO J C, LI B, YAN K, et al. Effects of continuous cropping on bacterial community diversity of tobacco growing soil in typical tobacco areas of Yunnan [J]. Journal of agricultural resources and environment, 2022, 39(1): 46-54 (in Chinese with English abstract).
- [29] 杨焕焕, 李茂森, 王丽渊, 等. 生物炭对烤烟成熟期土壤养分及

- 根际细菌群落结构的影响[J]. 华中农业大学学报, 2021, 40(5): 62-71. YANG H H, LI M S, WANG L Y, et al. Effects of biochar on soil nutrients and rhizosphere bacterial community structure of flue-cured tobacco at maturity [J]. Journal of Huazhong Agricultural University, 2021, 40(5): 62-71 (in Chinese with English abstract).
- [30] 朱海强. 不同碳输入对天山雪岭云杉林土壤碳氮及生物学特性的影响[D]. 乌鲁木齐: 新疆大学, 2021. ZHU H Q. Effects of different carbon inputs on soil carbon, nitrogen and biological characteristics of spruce forest in Xueling, Tianshan [D]. Urumqi: Xinjiang University, 2021 (in Chinese with English abstract).
- [31] 丁婷婷, 段廷玉. 果园绿肥对果树-土壤-微生物系统影响研究进展[J]. 果树学报, 2021, 38(12): 2196-2208. DING T T, DUAN T Y. Research progress on the effects of orchard green manure on fruit tree soil microbial system [J]. Journal of fruit trees, 2021, 38(12): 2196-2208 (in Chinese with English abstract).
- [32] 苏妮尔. 施肥对红皮云杉幼龄林木生长及土壤真菌群落的影响[D]. 哈尔滨: 东北林业大学, 2020. SU N E. Effects of fertilization on young tree growth and soil fungal community of *Picea koraiensis* [D]. Harbin: Northeast Forestry University, 2020 (in Chinese with English abstract).

Changing characteristics and driving factors of soil microbial community structure under continuous cropping of flue-cured tobacco

LIU Futong¹, LI Maosen¹, YAN Chaochao², PENG Zhiliang², JIANG Yali²,
HUANG Jinhui², ZHANG Yongfeng², REN Tianbao¹, LIU Guoshun¹

1. College of Tobacco, Henan Agricultural University/Henan Provincial Biochar Research and Engineering Technology Center, Zhengzhou 450002, China;
2. Shangluo Branch of Shaanxi Tobacco Company, Shangluo 726000, China

Abstract The changes of microbial biomass carbon, microbial biomass nitrogen, microbial diversity, microbial community structure and driving factors were analyzed in four different years including Y1 (flue-cured tobacco planting 1 a), Y2 (flue-cured tobacco continuous cropping 3 a), Y3 (flue-cured tobacco continuous cropping 5 a) and Y4 (flue-cured tobacco continuous cropping 7 a) of tobacco planting soils in Shangluo area, the hinterland of Qinling Mountains to study the changing characteristics and driving factors of microbial community structure of flue-cured tobacco soil under different continuous cropping conditions. The results showed that the microbial biomass carbon, nitrogen and carbon nitrogen ratio decreased with the increase of planting years, with the decrease of 37.16%, 20.40% and 21.10%, respectively. The abundance and diversity of bacteria in soil decreased significantly. The dominant bacteria were Actinobacteriota, Proteobacteria, Chloroflexi, Acidobacteriota and Firmicutes, with the total relative abundance accounting for 80% or more. The abundance of fungi in soil increased significantly. The dominant fungi were Ascomycota, Basidiomycota and Mucoromycota, with the total relative abundance accounting for 90% or more. Under the condition of Y4 continuous cropping, the relative abundance of beneficial microorganisms such as Firmicutes and Desulfobacterota in the soil decreased. The relative abundance of pathogenic microorganisms such as Mucoromycota and Chytridiomycota increased. Long term continuous cropping will reduce the relative abundance of beneficial microorganisms in soil, increase the relative abundance of pathogenic microorganisms, and decrease the carbon nitrogen ratio of soil microbial biomass, thereby increase the risk of tobacco disease. Therefore, the establishment of a good farming system or the construction of microbial community is the key technical way to alleviate or solve the imbalance of microbial community structure in continuous cropping tobacco fields.

Keywords flue-cured tobacco; tobacco planting soil; continuous cropping obstacle; microbial community; driving factors

(责任编辑: 张志钰)