

DOI: 10.13758/j.cnki.tr.2022.03.003

朱成之, 段旭, 张娜, 等. 青枯病不同发病率土壤对番茄植株氮素吸收效率的影响. 土壤, 2022, 54(3): 446–454.

青枯病不同发病率土壤对番茄植株氮素吸收效率的影响^①

朱成之, 段旭, 张娜, 徐志辉, 邓旭辉, 李荣*, 沈其荣

(南京农业大学资源与环境科学学院/江苏省固体有机废弃物资源化高新技术研究重点实验室/江苏省有机固体废弃物协同创新中心/教育部资源节约型肥料工程技术研究中心, 南京 210095)

摘要: 为研究青枯病不同发病率土壤对番茄植株氮素吸收效率的影响, 以番茄为供试植物, 采集连作多年后 6 种青枯病不同发病率(12.5%、21.9%、40.0%、59.4%、83.3% 和 91.6%)的土壤, 进行盆栽试验。结果表明, 随着初始土壤青枯病发病率逐渐升高, 番茄植株生物量和氮素吸收效率呈下降趋势, 且存在显著相关性; 初始土壤中全氮、铵态氮和硝态氮含量与植株的氮素吸收效率无显著相关; 初始土壤的细菌多样性和群落组成与植株的氮素吸收效率无显著相关, 但基于 OTU 的细菌群落变化与植物氮素吸收效率呈显著相关性, 溶杆菌属(*Lysobacter*)和藤黄单胞菌属(*Luteimonas*)细菌与植株氮素吸收效率呈显著正相关, 其中溶杆菌属(*Lysobacter*)细菌同时与发病率呈显著负相关。综上, 本研究发现, 受不同程度的连作障碍影响, 土壤的氮素含量与植物氮素吸收效率无显著相关性, 而初始土壤的细菌群落与植物氮素吸收效率存在显著相关性。

关键词: 连作障碍; 青枯病; 氮素吸收效率; 番茄; 土壤细菌群落

中图分类号: S154 文献标志码: A

Effects of Soils with Different Bacterial Wilt Disease Incidences on Nitrogen Absorption Efficiency of Tomato Plants

ZHU Chengzhi, DUAN Xu, ZHANG Na, XU Zhihui, DENG Xuhui, LI Rong*, SHEN Qirong

(College of Resources and Environmental Sciences/Jiangsu Provincial Key Laboratory of Solid Organic Waste Utilization/Jiangsu Collaborative Innovation Center of Solid Organic Wastes/Educational Ministry Engineering Center of Resource-Saving Fertilizers, Nanjing Agricultural University, Nanjing 210095, China)

Abstract: In order to evaluate the effects of soils with different bacterial wilt disease incidences on nitrogen uptake efficiency of tomato plants, tomato was used as the test plant and soils with different disease incidences (12.5%, 21.9%, 40.0%, 59.4%, 83.3% and 91.6%) were collected to conduct a greenhouse pot experiment. The results showed that with the increase of initial soil bacterial wilt disease incidence, tomato plant biomass and nitrogen uptake efficiency showed a significant decreasing trend. There was no significant correlation between the contents of soil total N, ammonium N and nitrate N with plant N uptake efficiency at the beginning. No significant correlation between initial soil bacterial diversity and community composition with plant nitrogen absorption efficiency; however, significant correlation was observed between bacterial community change based on OTU analysis and plant N uptake efficiency. The relative abundances of *Lysobacter* and *Luteimonas* showed a significant and positive correlation with plant N uptake efficiency, and among which *Lysobacter* also showed a significant and negative correlation with tomato bacterial wilt disease incidence. In conclusion, this study observed that the initial bacterial community in soil with continuous cropping obstacle, but not nitrogen nutritional status, was correlated with the plant nitrogen uptake.

Key words: Continuous cropping obstacle; Bacterial wilt disease; Nitrogen absorption efficiency; Tomato; Soil bacteria community

番茄青枯病是一种全球性的土传细菌性病害,一旦 发生难以控制且极具毁灭性,往往会造成巨大的经 济损失^[1], 严重破坏土壤的健康状况, 制约着番茄 的生产^[2-3]。连作土壤中微生物多样性下降, 微生物

①基金项目: 国家重点研发计划项目(2016YFD0200305)、国家自然科学基金项目(41977044, 32002132)、江苏省自然科学基金项目(BK20200562)、中国博士后基金面上项目(2020M671520)和大学生创新训练项目(202013xx06)资助。

* 通讯作者(lirong@njau.edu.cn)

作者简介: 朱成之(1997—), 女, 安徽芜湖人, 硕士研究生, 主要从事植物营养学研究。E-mail: 535665015@qq.com

间相互作用减少是导致不同类型连作障碍的主要原因^[4]。另外,连作在导致土传病害的同时,由于植株对养分的选择性吸收,容易导致一些元素的缺乏,造成养分失衡^[5],导致土壤退化,引起植株发育不良^[6],产量和品质下降^[7]。土壤微生物与植株的养分吸收息息相关^[8-10],然而,不同发病程度的土壤对作物养分吸收效率的影响,土壤初始微生物群落与植物养分吸收间的关系,尚缺乏系统研究。

氮是植物体内许多重要有机化合物的成分,影响着植物的代谢过程和生长发育^[11],它是植物体内蛋白质、核酸、磷脂和某些生长激素的重要组成部分^[12],也是某些植物激素、维生素等对生命活动起调节作用物质的主要成分^[13],且对作物最终产量的贡献约为 40%~50%^[14]。植株的氮素吸收受多种因素影响,研究表明,连作会使土壤中的氮素形态和积累发生变化,进而影响作物的生长过程和产量形成^[15-16];土壤微生物也会影响植株的氮素吸收利用^[17],对土壤氮素的有效性及其在地上、地下的循环特征方面起着调控作用^[18]。此外,目前我国的氮肥利用率低于发达国家^[19]。因此,研究不同连作障碍土壤下的植株氮素吸收效率及其影响因素,具有重要意义。

综上,目前国内外研究已经发现,长期连作造成土壤健康状况变化,进而影响植株的生长,然而从障

碍土壤氮素含量及细菌群落出发,探究连作障碍对植物氮素吸收利用的影响还很少。本文旨在从不同发病率的番茄青枯土出发,研究不同发病率土壤氮素含量及初始细菌群落对植株氮素吸收效率的影响,以期为通过调控土壤微生物,改善因连作障碍造成植株养分吸收效率低的问题提供新思路。

1 材料与方法

1.1 供试材料

供试土壤采自南京市蔬菜科学研究所(31°43'N, 118°46'E)设施蔬菜大棚。供采样大棚自 2013 年 3 月种植番茄,用于开展有机肥、生物有机肥、纯化肥等不同施肥模式对连作番茄青枯病的影响试验。采用对角线取样法采集因不同施肥模式造成的番茄青枯病不同发病率的 6 个不同处理土壤(表 1),采土当季(2019 年 6 月)青枯病发病率分别为 12.5%、21.9%、40.0%、59.4%、83.3% 和 91.6%,每种土壤的基本理化性质如表 1 所示。每种土壤采集 30 kg,采集回实验室自然风干后,磨土过 5 目筛待用。

供试作物为番茄,品种为上海合作 903。

供试肥料为化肥,分别为尿素(含 N 46.3%)、重过磷酸钙(含 P₂O₅ 43%)和硫酸钾(含 K₂O 52%)。

表 1 盆栽试验前青枯病不同发病率土壤的基本理化性状
Table 1 Basic physicochemical properties of soils with different bacterial wilt incidence rates

发病率(%)	全氮(g/kg)	NH ₄ ⁺ -N(mg/kg)	NO ₃ ⁻ -N(mg/kg)	全磷(g/kg)	有效磷(mg/kg)	全钾(g/kg)	速效钾(mg/kg)
12.5	0.59	9.55	72.53	1.05	11.12	1.05	343.00
21.9	0.56	12.58	106.00	0.98	10.40	0.92	280.50
40.0	0.46	22.61	197.44	1.28	14.06	1.12	348.75
59.4	0.58	9.40	125.94	1.13	14.25	1.09	370.00
83.3	0.54	6.66	59.67	0.82	7.20	0.96	203.25
91.6	0.58	25.69	25.82	0.78	9.13	0.92	205.75

1.2 供试土壤样品采集

番茄田间试验每个小区面积 8 m²,种植世纪红冠品种番茄 40 株,田间当季试验结束后,分别采集 6 个不同青枯病发病率的小区土壤,将番茄植株连根带土取出后,采集土体土壤用于 DNA 提取,每种发病率的处理采集 6 个重复,共 6 个处理,累计 36 个土壤样品,-80 °C 保存备用。

1.3 供试土壤 DNA 提取

提取土壤 DNA 进行高通量测序。使用 PowerSoil DNA(MoBio Laboratories Inc., USA)试剂盒,参照说明书提取土壤样品总 DNA,-80 °C 保存备用。

1.4 测序数据的分析

根据 Caporaso 等^[20]和 Kozich 等^[21]的试验方法,分别用 520F: 5'-AYT GGG YDT AAA GNG -3'和 802R: 5'-TAC NVG GGT ATC TAA TCC -3'引物测定细菌 16S rRNA 基因的 V4 区片段。将高通量测序获得的原始下机数据进行一系列处理获得用于后续分析 OTU 表格和分类信息,具体步骤如下:采用 UPARSE 标准处理流程^[22],对序列质量进行质控,去除低质量序列,拼接正反向序列;运用 USEARCH 软件,按照 UPARSE pipeline 将拼接好的序列在 97% 序列相似度的条件下生成可操作分类单元(OTU)初

始表, 提取每个 OTU 的代表性序列^[22]; 将 OTU 代表性序列上传至网站 <http://rdp.cme.msu.edu> 进行序列比对(RDP naïve Bayesian classifier, cutoff = 80%)。选用 RDP 16S rRNA database 数据库对细菌群落进行分类注释^[23], 最终获得每个 OTU 对应的具体分类信息。

1.5 盆栽试验设计

盆栽试验于 2019 年 8—10 月在江苏省固体有机废弃物资源化高技术重点实验室宜兴基地温室进行, 供试作物为番茄, 共设置 6 个处理, 分别为采集至青枯病发病率为 12.5%、21.9%、40.0%、59.4%、83.3% 和 91.6% 的田间 6 个处理移除番茄植株后的土壤。每个处理设置 12 个重复, 每个钵钵装土 1.5 kg, 72 盆盆栽按番茄全生育期所需养分(总氮 225 kg/hm², 总磷(P₂O₅)150 kg/hm² 和总钾(K₂O)225 kg/hm²)的 1% 量施肥, 每盆施肥量为: 尿素 0.52 g、重过磷酸钙 3.25 g 和硫酸钾 0.47 g, 与土拌匀作为基肥, 每盆种植一株番茄, 选取长势均一的种苗移栽, 常规管理。在番茄移栽后 40 d 的花期测定番茄植株生物量, 此时所有植株均未发病。

1.6 番茄生物量的统计

于番茄移栽后第 40 天植株花期时测定番茄植株鲜物质量和干物质量。鲜物质量: 采集各处理完整植株, 称取植株鲜质量。干物质量: 105 °C 杀青 30 min, 70 °C 烘干至恒量, 称取植株干质量。

1.7 土壤和植株氮素含量的测定

对盆栽试验前采集的初始土体土及盆栽种植 40 d 结束后的植株氮素含量进行测定, 测定方法参照《土壤农化分析》^[24]。土壤全氮(TN)采用高氯酸-硫酸消煮法结合流动分析仪(BRAN+LUEBBE AutoAnalyzer 3, 下同)测定。土壤 NH₄⁺-N、NO₃⁻-N: 称取 2.000 g

的风干土壤样品于三角瓶中, 加入 20 ml 0.01 mol/L 氯化钙溶液, 170 r/min 震荡 30 min, 过滤后用流动分析仪测定。植株氮素含量采用过氧化氢-硫酸消煮法结合流动分析仪测定。

1.8 植株氮素吸收效率

植株氮素吸收效率=植株氮素累积量/(土壤氮素含量+氮素投入量)

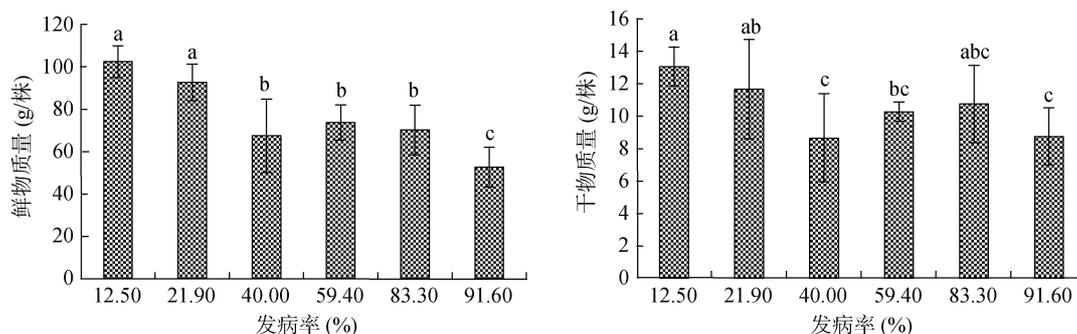
1.9 数据统计与分析

使用 Microsoft Excel 2007 对数据进行统计。用 SPSS 软件(20.0, SPSS Inc. Chicago, IL)进行单因素方差分析(ANOVA), 用 Duncan 检验法来比较处理间的差异, 显著性水平设定为 $P < 0.05$ 。用 R 语言(version 3.2.0)软件对 16S rDNA 测序结果进行分析以及对微生物、土壤氮素含量、发病率和植株氮素吸收效率进行斯皮尔曼相关性分析, 显著水平设定为 $P < 0.05$ 。

2 结果

2.1 青枯病不同发病率土壤对番茄生物量的影响

青枯病不同发病率土壤对番茄植株的影响如图 1 所示。不同发病率土壤对植株的鲜物质量和干物质量有显著性影响, 整体上为土壤发病率越高, 植株的鲜物质量和干物质量值越低, 发病率 91.6% 的土壤上, 植株的鲜物质量和干物质量最低, 平均每株干鲜物质量值仅有 8.76 g 和 52.63 g。而发病率 12.5% 的土壤上则为最高, 分别达到平均每株干鲜物质量值为 13.07 g 和 102.53 g。相比于发病率最低的土壤, 发病率越高的土壤与发病率为 12.5% 的土壤的植株鲜物质量差异越显著, 且发病率为 40.0%、59.4%、91.6% 的土壤与发病率为 12.5% 的土壤的植株干物质量差异显著。



(图中小写字母不同表示不同处理间差异达 $P < 0.05$ 显著水平, 下同)

图 1 青枯病不同发病率土壤对番茄植株鲜物质量和干物质量的影响

Fig. 1 Effects of soils with different bacterial wilt disease incidences on fresh and dry weights of tomato plants

2.2 植株氮素吸收效率及其与植株生物量的相关性

不同发病率土壤种植番茄后植株氮素吸收效率

如图 2 所示, 发病率为 12.5% 的土壤种植的番茄植株氮素吸收效率显著高于发病率为 91.6% 的土壤,

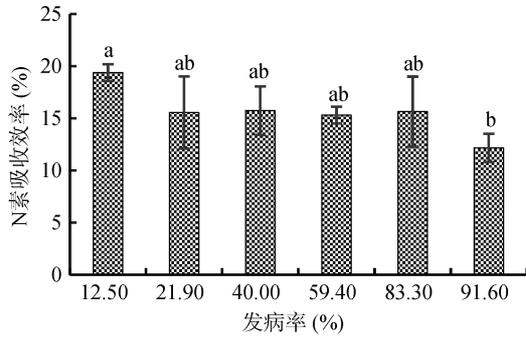
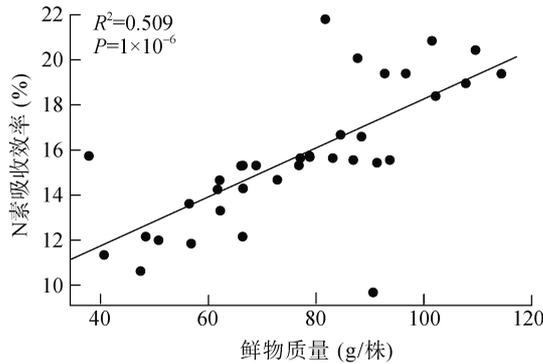


图 2 青枯病不同发病率土壤对植株氮素吸收效率的影响
Fig. 2 Effects of soils with different bacterial wilt disease incidences on plant N absorption efficiency

其余处理虽然无显著差异,但整体上体现出随土壤发病率的增加,植株氮素吸收效率下降的趋势(图 2)。氮素吸收效率与植株鲜物质量和干物质量的相关性分析表明,氮素吸收效率与植株的鲜物质量和干物质



量均呈显著正相关(图 3), P 值均小于 0.01。

2.3 初始土壤氮素含量与植株氮素吸收效率的相关性

分析不同发病率土壤初始氮素含量与植株氮素吸收效率的相关性,结果表明,不同发病率土壤 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 含量与植株氮素吸收效率显著负相关, $P=0.016$ 。 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 和土壤全氮含量与植株氮素吸收效率间无显著相关性(图 4), P 值分别为 0.31 和 0.81。

2.4 初始土壤细菌群落与植株氮素吸收效率的相关性

2.4.1 不同发病率土壤初始细菌多样性及其与植株氮素吸收效率的相关性 种植番茄前不同发病率土壤微生物 Alpha 多样性(Richness, Chao 和 Shannon)不同但无明显规律(图 5),进一步分析发现其与植株氮素吸收效率无显著相关性(图 6)。

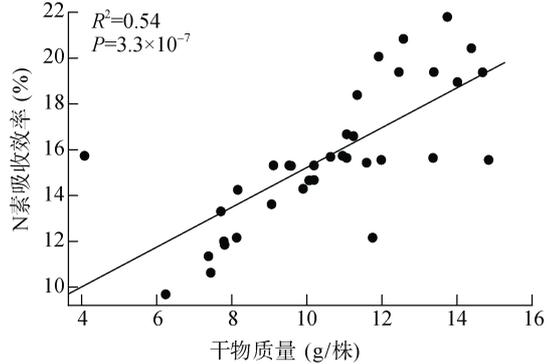


图 3 植株氮素吸收效率与生物量的相关性
Fig. 3 Correlation of N absorption efficiency with plant biomass

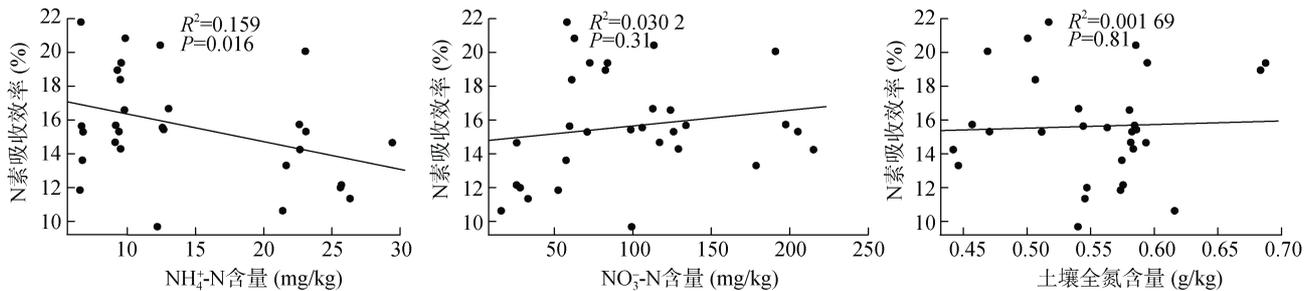


图 4 不同发病率初始土壤氮素含量与植株氮素吸收效率的相关性

Fig. 4 Correlations between initial soil nitrogen content and plant nitrogen absorption efficiency of soils with different disease incidence rates

基于 Bray-Curtis 距离计算出不同发病率土壤初始细菌群落 Beta 多样性(PCoA)(图 7A)。结果表明,发病率为 12.5%、40.0%、83.3%、91.6% 的处理和发病率为 21.9% 和 59.4% 的处理分别沿着第一轴(PCoA1)有规律地分开,而发病率为 12.5%、40.0%、83.3%、91.6% 的处理分别沿着第二轴(PCoA2)有规律地分开。PCoA1 轴的差异可以解释全面分析结果的 27.1%,PCoA2 轴的差异可以解释全面分析结果的

6.4%。且第一轴(PCoA1)和第二轴(PCoA2)与植株氮素吸收效率(图 7B)间无显著性相关。

2.4.2 初始土壤关键细菌类群与植株氮素吸收效率相关性

根据种植番茄前不同发病率土壤细菌群落的测序结果,计算基于 OTU 的群落变化与植株氮素吸收效率间的相关性,结果如图 8 所示, Mental 检测表明 OTU 的群落变化与植株氮素吸收效率有显著正相关关系。进一步从所有 OTU 中挑选与植株氮

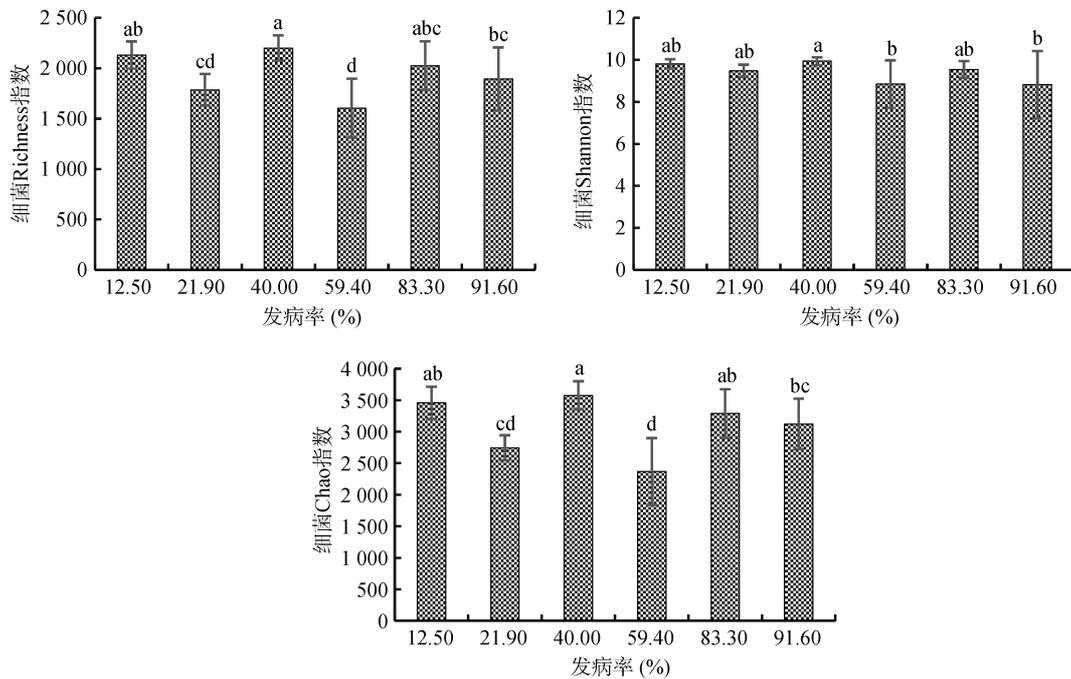


图 5 不同发病率初始土壤细菌 Alpha 多样性(Richness, Chao 和 Shannon)

Fig. 5 Initial soil bacterial *alpha* diversity (Richness, Chao, and Shannon) of soils with different disease incidence rates

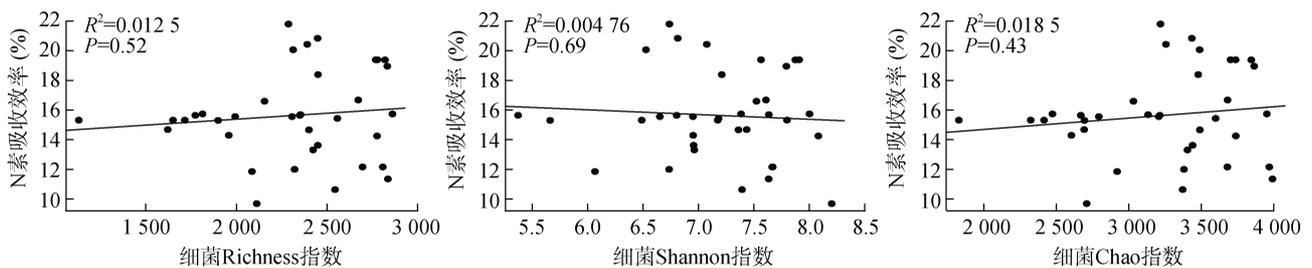


图 6 不同发病率初始土壤细菌 Alpha 多样性(Richness, Chao 和 Shannon)与植株氮素吸收效率的相关性

Fig. 6 Correlation between initial soil bacterial *alpha* diversity (Richness, Chao, and Shannon) and plant nitrogen absorption efficiency of soils with different disease incidence rates

素吸收效率显著相关的 OTU, 结果如表 2 所示, 其中 OTU39、OTU142 和 OTU106 与氮素吸收效率呈显著负相关, 这些 OTU 分别在属水平上归类于 *Gaiella*、*Parviterribacter* 和 *Sulfuritalea* 属; 而 OTU236、OTU2920、OTU3160 和 OTU2203 与植株氮素吸收效率呈显著正相关, 这些 OTU 分别属于 *Lysobacter*、*Luteimonas*、*Luteimonas* 和 *Lysobacter* 属(表 2)。

进一步探究与氮素吸收效率具显著正相关性的 OTU 与发病率的相关关系, 结果如图 9 所示, 与植株氮素吸收效率呈显著正相关的 OTU2203 (*Lysobacter*), 同时与发病率呈显著负相关, P 值小于 0.01。

3 讨论

青枯病是由青枯劳尔氏菌(*Ralstonia solanacearum*)引起的主要发生于茄科作物(如番茄、烟草、辣椒等)

的细菌性土传病害^[25]。青枯病危害性较大, 是严重制约农业可持续生产的主要土传病害之一。本研究利用青枯病发病率分别为 12.5%、21.9%、40.0%、59.4%、83.3% 和 91.6% 的土壤进行盆栽试验, 探究不同发病率土壤是如何影响植株氮素吸收的。已有研究表明, 连作障碍是由土壤养分失衡、有害微生物增加、土壤性质恶化、化感物质积累和微生物区系劣变等综合因素作用的结果^[26]。长期连作会造成根际周围的土壤营养平衡失调, 有益微生物数量降低^[27], 植物生长受到阻碍, 导致作物减产^[28-34]。本研究通过在不同发病率土壤中种植番茄后对植株生物量和氮素吸收效率进行测定, 结果显示青枯病发病率越高的土壤植株长势越差, 且发病率越高的土壤植株干鲜重越低, 植株的氮素吸收效率也越低, 即高发病率土壤中的植株长势差, 生物量低, 植株氮素吸收能力差, 这和已有的研究一致。阮维斌等^[35]研究发现大豆连作

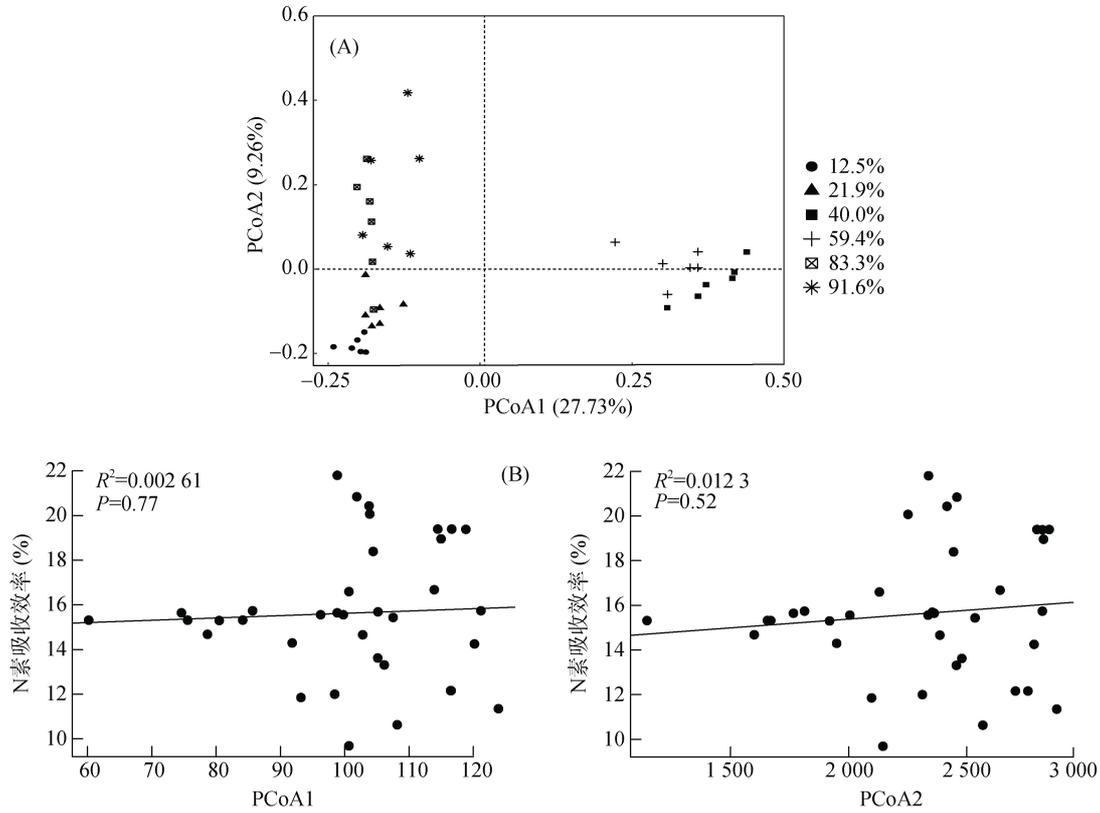


图 7 土壤细菌 Beta 多样性(A)及其与植株氮素吸收效率的相关性(B)

Fig. 7 Soil bacterial beta diversity (PCoA) before planting (A) and correlations between beta diversity and plant nitrogen absorption efficiency (B)

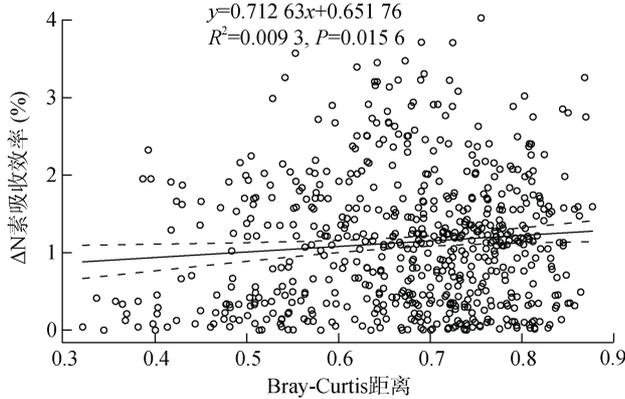


图 8 细菌 OTU 的群落变化与植物氮素吸收效率的相关性

Fig.8 Correlation between variations of bacterial community based on OTUs and N element absorption efficiency

障碍导致大豆生物量下降，养分吸收总量显著降低，固氮作用减弱，植株黄化等。本研究也表明了植株氮素吸收效率与植株的干鲜物质量呈显著正相关，植株的氮素吸收效率越高，植株的长势越好。

在探究番茄植株在不同发病率土壤下影响植株氮素吸收效率的因素时，对种植番茄前的初始土壤提取土壤 DNA 进行高通量测序，同时测定初始土壤氮素含量。结果表明，并非初始土壤氮素含量越高，植

株氮素吸收效率越高。影响植株氮素吸收效率的理化因素有多种，土壤氮磷比、碳氮比等都会影响植株的氮素吸收效率^[36-37]，本研究并没有发现土壤氮素含量与植株的氮素吸收效率间的正相关关系。

进一步在研究土壤初始微生物区系与番茄植株氮素吸收效率的关系时发现，初始土壤细菌群落的 Alpha 多样性和 Beta 多样性与植物氮素吸收效率均无显著相关性。土壤微生物在土壤为植物提供养分过程中起着关键作用，它是陆地生态系统植物多样性和生产力的重要驱动者^[38]，本研究发现细菌群落多样性指标与植株氮素吸收效率无显著相关性。但从 PCoA 分析发现，不同发病率的供试土壤具有不同的细菌群落组成，这证实了不同健康程度的土壤具有不同的细菌群落多样性^[39]，且已有研究表明了有益细菌类群在防控青枯病发生和促进植株生长方面的联合效应^[40]，推测土壤微生物群落中的某些关键细菌类群的差异，造成了植株的氮素吸收效率的差异。从细菌群落中的 7 424 个 OTU 中筛选出与植株氮素吸收效率显著相关的 OTU，结果显示，OTU236、OTU2920、OTU3160、OTU2203 与氮素吸收效率呈显著正相关，他们分别属于溶杆菌属(*Lysobacter*)、藤黄单胞菌属(*Luteimonas*)、藤黄单胞菌属(*Luteimonas*)、

表 2 与氮素吸收效率相关的关键细菌种群
Table 2 Key bacteria associated with N element absorption efficiency

指标	OTU39	OTU236	OTU142	OTU2920	OTU106	OTU3160	OTU2203
属	<i>Gaiella</i>	<i>Lysobacter</i>	<i>Parviterribacter</i>	<i>Luteimonas</i>	<i>Sulfuritalea</i>	<i>Luteimonas</i>	<i>Lysobacter</i>
相关系数 r	-0.405	0.377	-0.368	0.360	-0.352	0.345	0.338
P	0.014 3	0.023 5	0.027 1	0.031 2	0.035 2	0.039 1	0.043 5

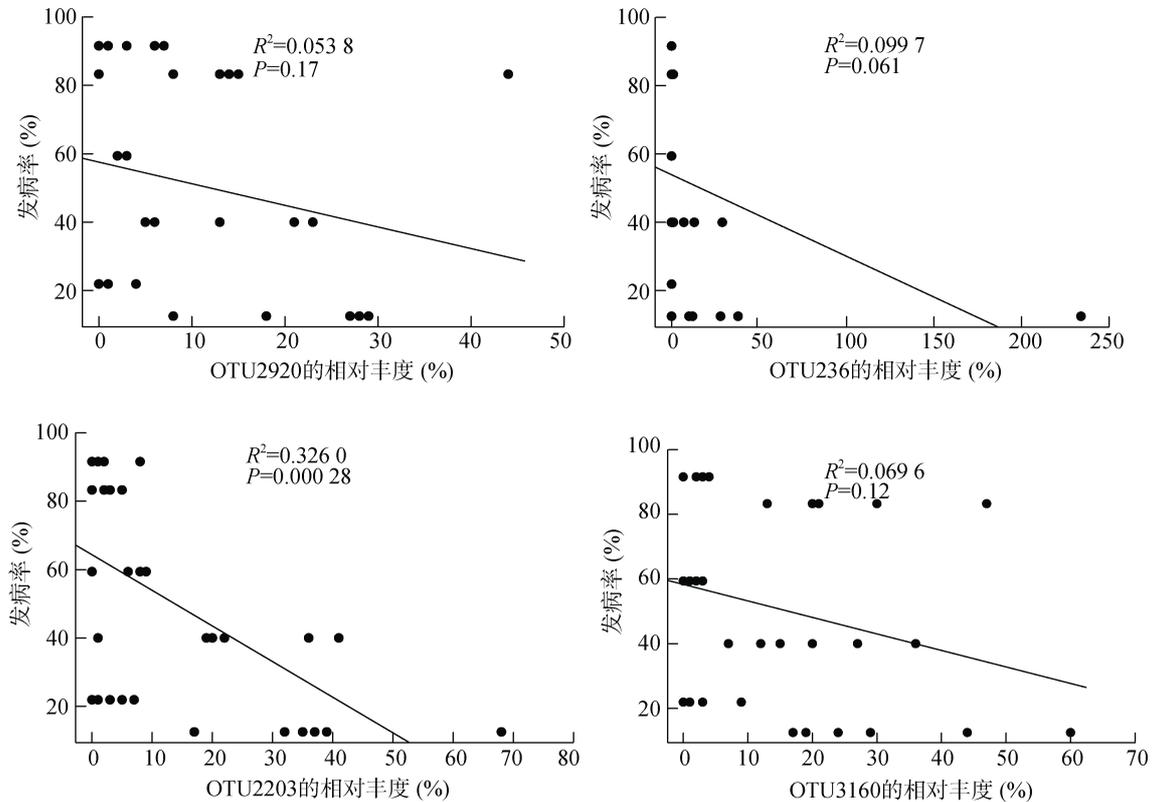


图 9 与氮素吸收效率显著正相关的 OTU 与初始发病率的相关性

Fig. 9 Correlation between OTU significantly and positively related to nitrogen uptake efficiency and initial disease incidence

溶杆菌属(*Lysobacter*)。在与氮素吸收效率显著正相关的微生物中,进一步发现 OTU2203(溶杆菌属)同时也与发病率呈负相关。研究表明,溶杆菌属细菌对真菌、革兰氏阴性细菌、革兰氏阳性细菌均有明显的拮抗作用,与其他生防菌相比,溶杆菌属细菌能够分泌几丁质酶、 β -1,3-葡聚糖酶等多种胞外酶,该酶通过水解病原菌细胞壁抑制其增殖,从而提高植物的抗真菌能力^[41]。同时溶杆菌属也能分泌活性小分子物质、生物表面活性剂、抗生素等来抑制病原菌的生理生化过程,从而达到对病原菌的拮抗效果^[42]。溶杆菌属因其高效、广谱的拮抗作用,现已成为植物病害生防微生物的重要组成部分^[43]。此外,藤黄单胞菌属也对大肠杆菌、金黄色葡萄球菌、铜绿假单胞菌等均具有一定的抗性,但对真菌没有抗性^[44]。目前已有研究表明有复合菌剂在盆栽试验条件下能对番茄青枯病有抑制效果,同时也能促进番茄植株的生长^[45],本研究

的结果与此一致。而溶杆菌属和藤黄单胞菌属是如何同时影响植株抗病和氮素吸收效率的,以及其在二者之间的作用机制还有待研究。

4 结论

本研究表明,随着初始土壤番茄青枯病发病率的逐渐升高,番茄植株长势越来越差,且植株的氮素吸收效率也越来越低,初始土壤的全氮、铵态氮和硝态氮含量与植株的氮素吸收效率无显著正相关。在初始土壤的细菌群落方面,多样性和群落组成与植株的氮素吸收效率无显著性相关性,但基于 OTU 的细菌群落变化与植物氮素吸收效率呈显著相关性,与番茄植株氮素吸收效率呈显著正相关的 OTUs 分别归属于溶杆菌属(OTU236 和 OTU2203)和藤黄单胞菌属(OTU2920 和 OTU3160),其中溶杆菌属的细菌 OTUs 同时与初始土壤青枯病发病率呈负相关。

参考文献:

- [1] Richard C. Bacterial wilt disease and the *Ralstonia solanacearum* species complex[J]. *Plant Pathology*, 2006, 55(2): 308–309.
- [2] 陈志龙, 陈杰, 许建平, 等. 番茄青枯病生物防治研究进展[J]. *江苏农业科学*, 2013, 41(8): 131–134.
- [3] 康亚龙, 景峰, 孙文庆, 等. 加工番茄连作对土壤理化性状及微生物量的影响[J]. *土壤学报*, 2016, 53(2): 533–542.
- [4] Shen Z Z, Penton C R, Lv N, et al. Banana *Fusarium* wilt disease incidence is influenced by shifts of soil microbial communities under different monoculture spans[J]. *Microbial Ecology*, 2018, 75(3): 739–750.
- [5] 吕卫光, 余廷园, 诸海涛, 等. 黄瓜连作对土壤理化性状及生物活性的影响研究[J]. *中国生态农业学报*, 2006, 14(2): 119–121.
- [6] 孙雪婷, 龙光强, 张广辉, 等. 基于三七连作障碍的土壤理化性状及酶活性研究[J]. *生态环境学报*, 2015, 24(3): 409–417.
- [7] 刘星. 甘肃中部沿黄灌区马铃薯连作障碍机理及防控技术初探[D]. 兰州: 甘肃农业大学, 2015.
- [8] Mendes R, Kruijt M, de Bruijn I, et al. Deciphering the rhizosphere microbiome for disease-suppressive bacteria[J]. *Science*, 2011, 332(6033): 1097–1100.
- [9] Adesemoye A O, Torbert H A, Kloepper J W. Enhanced plant nutrient use efficiency with PGPR and AMF in an integrated nutrient management system[J]. *Canadian Journal of Microbiology*, 2008, 54(10): 876–886.
- [10] Pii Y, Mimmo T, Tomasi N, et al. Microbial interactions in the rhizosphere: Beneficial influences of plant growth-promoting rhizobacteria on nutrient acquisition process. A review[J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2015, 51(4): 403–415.
- [11] 孙晓明, 宋雄刚. 植物文化在住宅区园林景观植物配置中的重要性研究[J]. *现代园艺*, 2020, 43(23): 66–68.
- [12] 陆景陵, 胡霭堂. 植物营养学[M]. 北京: 高等教育出版社, 2006.
- [13] 张立军, 刘新. 植物生理学[M]. 2版. 北京: 科学出版社, 2011.
- [14] 陈雅君, 闫庆伟, 张璐, 等. 氮素与植物生长相关研究进展[J]. *东北农业大学学报*, 2013, 44(4): 144–148.
- [15] 李忠, 江立庚, 唐荣华, 等. 连作对花生土壤酶活性、养分含量和植株产量的影响[J]. *土壤*, 2018, 50(3): 491–497.
- [16] 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.
- [17] 张敏, 孙宝利, 宋阿琳, 等. 微生物多样性对土壤氮磷钾转化、酶活性及油菜生长的影响[J]. *生态学报*, 2016, 36(18): 5856–5864.
- [18] 沈仁芳, 赵学强. 土壤微生物在植物获得养分中的作用[J]. *生态学报*, 2015, 35(20): 6584–6591.
- [19] 朱兆良. 中国土壤氮素研究[J]. *土壤学报*, 2008, 45(5): 778–783.
- [20] Caporaso J G, Lauber C L, Walters W A, et al. Global patterns of 16S rRNA diversity at a depth of millions of sequences per sample[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2011, 108(Suppl 1): 4516–4522.
- [21] Kozich J J, Westcott S L, Baxter N T, et al. Development of a dual-index sequencing strategy and curation pipeline for analyzing amplicon sequence data on the MiSeq Illumina sequencing platform[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2013, 79(17): 5112–5120.
- [22] Edgar R C. UPARSE: highly accurate OTU sequences from microbial amplicon reads[J]. *Nature Methods*, 2013, 10(10): 996–998.
- [23] Wang Q, Garrity G M, Tiedje J M, et al. Naive Bayesian classifier for rapid assignment of rRNA sequences into the new bacterial taxonomy[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2007, 73(16): 5261–5267.
- [24] 鲍士丹. 土壤农化分析[M]. 北京: 中国农业出版社, 1999.
- [25] 陈玉婷, 林威鹏, 范雪滢, 等. 硅介导番茄青枯病抗性的土壤定量蛋白质组学研究[J]. *土壤学报*, 2015, 52(1): 162–173.
- [26] 李天来, 杨丽娟. 作物连作障碍的克服——难解的问题[J]. *中国农业科学*, 2016, 49(5): 916–918.
- [27] 李云龙, 王宝英, 常亚锋, 等. 土壤强还原处理对三七连作障碍因子及再植三七生长的影响[J]. *土壤学报*, 2019, 56(3): 703–715.
- [28] Kelderer M, Manici L M, Caputo F, et al. Planting in the ‘inter-row’ to overcome replant disease in apple orchards: A study on the effectiveness of the practice based on microbial indicators[J]. *Plant and Soil*, 2012, 357(1/2): 381–393.
- [29] Li C G, Li X M, Kong W D, et al. Effect of monoculture soybean on soil microbial community in the Northeast China[J]. *Plant and Soil*, 2010, 330(1/2): 423–433.
- [30] Urashima Y, Sonoda T, Fujita Y, et al. Application of PCR-denaturing-gradient gel electrophoresis (DGGE) method to examine microbial community structure in *Asparagus* fields with growth inhibition due to continuous cropping[J]. *Microbes and Environments*, 2012, 27(1): 43–48.
- [31] Yang J I, Ruegger P M, McKenry M V, et al. Correlations between root-associated microorganisms and peach replant disease symptoms in a California soil[J]. *PLoS One*, 2012, 7(10): e46420.
- [32] Yim B, Smalla K, Winkelmann T. Evaluation of apple replant problems based on different soil disinfection treatments—links to soil microbial community structure?[J]. *Plant and Soil*, 2013, 366(1/2): 617–631.
- [33] Zhang Y T. Identification and characterization of a *Bacillus subtilis* strain TS06 as bio-control agent of strawberry replant disease (*Fusarium* and *Verticillium* wilts)[J]. *African Journal of Biotechnology*, 2012, 11(3): 570–580. DOI:10.5897/ajb11.1131.
- [34] 尹承苗, 王玫, 王嘉艳, 等. 苹果连作障碍研究进展[J]. *园艺学报*, 2017, 44(11): 2215–2230.
- [35] 阮维斌, 王敬国, 张福锁. 连作障碍因素对大豆养分吸收和固氮作用的影响[J]. *生态学报*, 2003, 23(1): 22–29.

- [36] 白冬, 金艳, 宋佳静, 等. 氮磷配施对小麦植株氮素利用率的影响[J]. 农业科技通讯, 2020(12): 48–51.
- [37] 葛顺峰, 周乐, 李红娜, 等. 土壤 C/N 对苹果植株生长及氮素利用的影响[J]. 中国生态农业学报, 2013, 21(7): 795–800.
- [38] van der Heijden M G A, Bardgett R D, van Straalen N M. The unseen majority: Soil microbes as drivers of plant diversity and productivity in terrestrial ecosystems[J]. Ecology Letters, 2008, 11(3): 296–310.
- [39] Matson P A, Parton W J, Power A G, et al. Agricultural intensification and ecosystem properties[J]. Science, 1997, 277(5325): 504–509.
- [40] Li S T, He P, Jin J Y. Nitrogen use efficiency in grain production and the estimated nitrogen input/output balance in China agriculture[J]. Journal of the Science of Food and Agriculture, 2013, 93(5): 1191–1197.
- [41] Postma J, Stevens L H, Wiegiers G L, et al. Biological control of *Pythium aphanidermatum* in cucumber with a combined application of *Lysobacter enzymogenes* strain 3.1T8 and chitosan[J]. Biological Control, 2009, 48(3): 301–309.
- [42] 王娜, 武坤毅, 崔浪军, 等. 溶杆菌属细菌鉴定及生防机制概况[J]. 西北农林科技大学学报(自然科学版), 2015, 43(5): 174–182, 191.
- [43] 刘琳琳, 钱国良, 刘凤权. 胶状溶杆菌 OH17 菌株遗传操作系统的构建[J]. 南京农业大学学报, 2017, 40(4): 649–654.
- [44] 李广宁. 一株产抗藤黄单胞菌的鉴定及其特性研究[D]. 沈阳: 沈阳药科大学, 2009.
- [45] 李勤奋, 邓晓, 武春媛, 等. 复合菌剂对番茄抗病促生的效果研究[J]. 生态环境学报, 2012, 21(11): 1836–1840.