

湖南西瓜枯萎病根际微生物群落差异及其影响因子

向左芹^{1,2,3,4}, 黄丽芳^{2,3,4}, 刘秋梅^{2,3,4}, 冯书珍⁵, 周燕¹, 何长征^{1*}, 何寻阳^{2,3,4*}

1 湖南农业大学 园艺学院, 湖南 长沙

2 广西石漠化治理产业技术研究院有限公司, 广西 南宁

3 中国科学院亚热带农业生态研究所, 湖南 长沙

4 广西环江农业生态系统观测研究站, 广西喀斯特生态过程与服务重点实验室, 中国科学院环江喀斯特生态系统观测研究站, 广西 环江

5 广西科技大学 医学部, 广西 柳州

向左芹, 黄丽芳, 刘秋梅, 冯书珍, 周燕, 何长征, 何寻阳. 湖南西瓜枯萎病根际微生物群落差异及其影响因子[J]. 微生物学报, 2026, 66(5): 2261-2279.

XIANG Zuoqin, HUANG Lifang, LIU Qiumei, FENG Shuzhen, ZHOU Yan, HE Changzheng, HE Xunyang. Differences and driving factors of rhizosphere microbial communities between healthy and *Fusarium* wilt-affected watermelon plants in Hunan Province[J]. Acta Microbiologica Sinica, 2026, 66(5): 2261-2279.

摘要:【目的】由尖孢镰刀菌西瓜专化型(*Fusarium oxysporum* f. sp. *nivum*)引起的枯萎病是西瓜生产中的典型土传病害, 危害极大。本研究旨在分析西瓜健康植株和枯萎病植株根际土壤的微生物群落结构, 明确西瓜枯萎病发生对根际土壤理化性质及微生物群落的调控效应, 揭示病原菌富集、有益菌群衰退与土壤环境因子的互作关系, 为基于根际微生态调控的西瓜枯萎病绿色防控提供理论支撑。【方法】以湖南邵阳西瓜主产区的‘小玉五号’西瓜为研究对象, 采集健康植株(HT组)与枯萎病发病植株(FT组)的根际土壤, 测定总氮(total nitrogen, TN)、总磷(total phosphorus, TP)、速效磷(available phosphorus, AP)、速效钾(available potassium, AK)等理化指标; 利用 Illumina 高通量测序技术分析健康植株和枯萎病植株根际微生物群落结构及多样性。【结果】FT组根际土壤的 TP、AP、AK 含量显著低于 HT组($P<0.05$), TN、有机质(organic matter, OM)及 pH 呈下降趋势, 但差异不显著。 α 多样性分析显示, FT组真菌的 ACE/Chao1 指数显著高于 HT组($P<0.05$), FT组细菌的 ACE/Chao1 指数也高于 HT组($P>0.05$), 且细菌与真菌的 Simpson 指数(均匀度)均为 HT组显著更高($P<0.05$)。HT组芽孢杆菌门(*Bacillota*)的丰度显著高于 FT组, 而 FT组子囊菌门(*Ascomycota*)的丰度显著升高。在属水平上, FT组新颖芽孢杆菌属(*Neobacillus*)、芽孢杆菌属(*Bacillus*)等有益菌的丰度下降, 但病原菌镰刀菌属(*Fusarium*)的丰度从 0.06% 急增至 2.40%。RDA

资助项目: 中国科学院乡村振兴项目(KFJ-XCZX-202303); 广西产业技术研究院重大产业技术创新项目(CYY-HT2023-JSJJ-0038)

This work was supported by the Rural Revitalization Project of Chinese Academy of Sciences (KFJ-XCZX-202303) and the Project of Guangxi Institute of Industrial Technology Research (CYY-HT2023-JSJJ-0038).

*Corresponding authors. E-mail: HE Changzheng, hecz@hotmail.com; HE Xunyang, hbhbjhn@isa.ac.cn

Received: 2025-10-24; Accepted: 2026-01-07; Published online: 2026-01-21

分析表明, TN、TP、OM 是驱动细菌群落变化的关键因子, TN、OM、AK 是调控真菌群落的核心因子。功能预测提示, 患病根际细菌群落的应激响应与能量代谢相关功能增强, 真菌群落的植物细胞壁降解等功能潜力升高。【结论】西瓜枯萎病的发生会导致根际土壤磷钾养分耗竭及微生物生态失衡, 具体表现为病原菌镰刀菌属(*Fusarium*)富集、有益菌(*Neobacillus*、*Bacillus* 等)衰退。土壤 TN、OM 及 AK 是调控这一失衡过程的关键环境因子, 其中 AK 的缺乏可能是连接土壤环境恶化与病害加剧的核心枢纽。研究结果为制定以“补钾稳钾、定向培育有益菌群”为核心的西瓜枯萎病绿色生态防控策略提供了重要的理论依据。

关键词: 西瓜枯萎病; 根际微生物; 高通量测序; 土壤理化性质; 群落多样性

Differences and driving factors of rhizosphere microbial communities between healthy and *Fusarium* wilt-affected watermelon plants in Hunan Province

XIANG Zuoqin^{1,2,3,4}, HUANG Lifang^{2,3,4}, LIU Qiumei^{2,3,4}, FENG Shuzhen⁵, ZHOU Yan¹, HE Changzheng^{1*}, HE Xunyang^{2,3,4*}

1 College of Horticulture, Hunan Agricultural University, Changsha, Hunan, China

2 Guangxi Industrial Technology Research Institute on Karst Rocky Desertification Control Co., Ltd., Nanning, Guangxi, China

3 Institute of Subtropical Agriculture, Chinese Academy of Sciences, Changsha, Hunan, China

4 Huanjiang Agriculture Ecosystem Observation and Research Station of Guangxi, Guangxi Key Laboratory of Karst Ecological Processes and Services, Huanjiang Observation and Research Station for Karst Ecosystems, Chinese Academy of Sciences, Huanjiang, Guangxi, China

5 College of Medicine, Guangxi University of Science and Technology, Liuzhou, Guangxi, China

Abstract: [Objective] *Fusarium* wilt caused by *Fusarium oxysporum* f. sp. *nivum* is a typical soil-borne disease in watermelon production, posing significant threats. This study investigates the microbial community structures in the rhizosphere soil of healthy and *Fusarium* wilt-affected watermelon plants to clarify the regulatory effects of this disease on the physicochemical properties and microbial communities of rhizosphere soil. It aims to reveal the interactions between pathogen enrichment, beneficial microbial decline, and soil environmental factors, providing theoretical support for the green control of *Fusarium* wilt in watermelon plants by rhizosphere microbiome regulation. [Methods] Rhizosphere soil samples were collected from healthy plants (HT group) and *Fusarium* wilt-infected plants (FT group) of the watermelon variety ‘Xiaoyu No. 5’ in Shaoyang, Hunan. Physicochemical indicators including total nitrogen (TN), total phosphorus (TP), available phosphorus (AP), and available potassium (AK) were measured. Illumina high-throughput sequencing was employed to analyze the structures and diversity of microbial communities in the rhizosphere soil of healthy and disease-infected plants.

[Results] The FT group had lower content of TP, AP, and AK in the rhizosphere soil than the HT group ($P<0.05$). The TN, organic matter (OM), and pH in the FT group were lower without significant differences than the HT group. The FT group had higher fungal ACE and Chao1 indices ($P<0.05$), higher bacterial ACE and Chao1 indices ($P>0.05$), and higher fungal and bacterial Simpson indices (evenness) ($P<0.05$) than the HT group. The abundance of *Bacillota* was significantly higher in the HT group than in the FT group, whereas that of *Ascomycota* was significantly higher in the FT group. At the genus level, the abundance of beneficial bacteria such as *Neobacillus* and *Bacillus* decreased in the FT group, while that of the pathogenic genus *Fusarium* increased sharply from 0.06% to 2.40%. The redundancy analysis (RDA) indicated that TN, TP, and OM were key drivers of bacterial community changes, whereas TN, OM, and AK were core regulators of fungal communities. Functional prediction suggested enhanced functions such as stress responses and energy metabolism of bacteria, alongside increased potential for functions such as plant cell wall degradation of fungi, in the diseased rhizosphere. **[Conclusion]** The occurrence of *Fusarium* wilt in watermelon plants leads to depletion of phosphorus and potassium in the rhizosphere soil and disrupts microbiome balance. This is manifested by the enrichment of *Fusarium* and the decline of beneficial bacteria (e.g., *Neobacillus* and *Bacillus*). Soil TN, OM, and AK are key environmental factors regulating this imbalance, with AK deficiency potentially serving as a pivotal link between soil environmental degradation and disease intensification. These findings provide crucial theoretical support for developing eco-friendly control strategies-potassium supplementation and stabilization alongside the targeted cultivation of beneficial microbial communities-targeting *Fusarium* wilt in watermelon plants.

Keywords: *Fusarium* wilt in watermelon plants; rhizosphere microorganisms; high-throughput sequencing; soil physicochemical properties; community diversity

西瓜(*Citrullus lanatus*)作为全球重要的经济作物,其产业规模与效益直接关系到农产品供给安全及农民增收,在我国乡村振兴战略中具有不可替代的支柱地位。据农业农村部2023年统计数据,我国西瓜种植面积达156.2万 hm^2 ,联合国粮农组织2024年报告进一步显示,我国西瓜产量占全球总产量的67.5%,是名副其实的西瓜生产与消费大国^[1]。然而,随着西瓜规模化、连作化种植模式的普及,土传病害已成为制约西瓜产业可持续发展的核心瓶颈,由尖孢镰刀菌西瓜专化型(*Fusarium oxysporum* f. sp. *niveum*)引起的西瓜枯萎病危害最为突出^[2]。该病原菌可通过侵染西瓜根系维管束,破坏养分与水分运输通道,导致根系腐烂、植株萎蔫枯死,在华北平原、长江流域等主产区可造成

32.7%–78.3%的产量损失,严重威胁西瓜产业安全^[3-6]。根际作为植物-土壤-微生物互作的关键界面,其微生物群落被视为抵御土传病原菌入侵的“第一道防线”^[7-8]。在健康根际微生物生态系统中有益微生物(如芽孢杆菌属、类芽孢杆菌属)可通过资源竞争、分泌拮抗物质及诱导植物系统抗性等机制抑制病原菌增殖^[9]。在连作条件下,根际生态平衡被打破,具体表现为有益菌群数量减少、功能衰退,病原菌在根际土壤中持续富集并形成“优势生态位”,最终诱发“病害暴发-微生态失衡”的恶性循环^[10]。

当前,西瓜枯萎病防治仍以化学药剂施用于抗病品种选育为主要手段,但长期依赖化学药剂易导致病原菌抗药性增强、土壤微生物多样性降低及环境二次污染^[11-12];抗病品种选育

则受限于育种周期长(通常需 5–8 年)且难以应对病原菌快速变异引发的抗性失效问题^[13], 因此从根际微生态调控视角解析病害发生机制, 成为研发绿色防控技术的核心方向。高通量测序技术的突破为深入解析根际微生物与土传病害的互作机制提供了有力工具。郑明子等^[14]通过 Illumina 测序发现, 西瓜遭受枯萎病侵染时可通过调控根系分泌物组成, 主动诱集有益微生物(如鞘氨醇单胞菌属)在根际定殖, 进而重构根际微生物群落结构以启动防御反应; 侯嘉玮等^[15]对比健康与患病西瓜根际微生物特征, 指出健康植株根际微生物丰度与丰富度与患病植株有显著差异, 且其细菌群落网络结构更稳定、抗干扰能力更强; 谭嘉琦等^[16]针对烟草根黑腐病根际土壤微生物群落分析发现, 感病土壤中细菌 ACE 数量升高, Chao1 指数增加; 此外, 孟怡心^[17]研究表明, 病害的侵染能够改变植物根际土壤微生物菌落的多样性, 从而利于自身入侵并增强利用寄主营养的能力。这些研究为理解西瓜枯萎病与根际微生物的关联提供了重要参考。

湖南邵阳^[18]作为我国南方典型的西瓜主产区, 其红壤质地、中亚热带湿润季风气候(年均气温 16.1–17.1 °C, 年均降水量 1 200–1 500 mm)为西瓜种植提供了适宜条件, 但长期连作导致的枯萎病问题已严重制约当地产业发展^[19]。本研究以邵阳西瓜主产区‘小玉五号’西瓜为研究对象, 明确西瓜枯萎病发生对根际土壤理化性质(尤其是氮、磷、钾养分及 pH)的影响规律; 解析健康与患病植株根际细菌、真菌群落在 α/β 多样性及物种组成上的差异特征, 并深入探讨患病条件下多样性变化的特殊生态机制; 揭示驱动根际微生物群落变化的关键土壤理化因子, 及其与病原菌[镰刀菌属(*Fusarium*)]、有益菌的互作机制。本研究旨在为优化西瓜根际微生态调控策略和枯萎病绿色防控技术提供理论依据, 助力西瓜产业高质量可持续发展。

1 材料与方法

1.1 样地概况及采样方法

邵阳市地处湖南省西南部, 地形以丘陵、山地为主, 属典型中亚热带湿润季风气候, 土壤肥沃, 适宜西瓜等农作物生长。本研究选取湖南雪峰种业邵阳市现代农业示范园中‘小玉五号’西瓜大棚土壤作为样本, 该大棚位于湖南省邵阳市大祥区板桥乡李家山村(111° 53' N, 27° 19' E)。此大棚采用西瓜连作种植模式, 连作年限为 4 年, 共分 4 个小区, 每个小区宽 1 m、长 10 m, 小区内单列种植, 种植间距为 0.45 m, 采用常规水肥管理。每年种植前每个小区施入 10 kg 复合肥($m_N:m_P:m_K=15:15:15$)。于 2024 年 10 月 26 日西瓜开花期采集土壤样品。

随机选取自然发病植株及健康植株各 12 株, 发病植株表现为叶片萎蔫、黄化, 茎基部维管束呈褐色; 健康植株则生长健壮, 叶片舒展, 维管束无褐变。采集根际土壤时先除去土壤表层的杂草、落叶等, 用无菌铲挖出植株后, 去除植株根部区域外围的土壤, 采用“抖根法”取紧贴于植株根表的土样^[20–22]。将收集到的新鲜植株样本置于装有冰袋的保温箱中, 运送至实验室, 获取根系 2 mm 范围内的土壤, 即为根际土。去除杂质后过 2 mm 孔径网筛, 并将过筛后的土壤分别编码为 1–12。之后, 随机将 4 份根际土壤合并, 获得 3 组平行样品, 分别标记为 HT-1、HT-2、HT-3; 患病西瓜的土壤同上处理, 3 组样品依次标记为 FT-1、FT-2、FT-3。以上 6 组土壤样品各分为 2 份, 一份暂存于–80 °C 低温冰箱, 用于高通量测序; 另一份置于阴凉处风干, 经研磨后过 0.425 mm 孔径 40 目网筛, 用于土壤理化性质测定。

1.2 土壤理化性质的测定

参照鲁如坤^[23]提出的标准土壤测试方法, 测定土壤总氮(total nitrogen, TN)、总磷(total phosphorus, TP)、速效磷(available phosphorus, AP)、速效钾(available potassium, AK)、碱解氮

(alkaline hydrolyzable nitrogen, AN)、铵态氮 (ammonium nitrogen, $\text{NH}_4^+\text{-N}$)、硝态氮 (nitrate nitrogen, $\text{NO}_3^-\text{-N}$)、有机质 (organic matter, OM) 和 pH。采用连续流动分析仪法测定总氮; 采用盐酸(HCl)-硫酸浸提酸性土壤速效磷法测定速效磷; 采用乙酸铵溶液浸提法测定速效钾; 采用碱解扩散法测定碱解氮; 采用硫酸钾浸提法测定铵态氮、硝态氮; 总磷、有机质和 pH 分别采用硝酸-氢氟酸-高氯酸消解法、重铬酸钾容量法和 pH 计测定。

1.3 样品基因组总 DNA 的提取和高通量测序

根据 E.Z.N.A.[®] Soil DNA Kit (Omega Bio-Tek 公司)说明书进行微生物群落总 DNA 抽提, 使用 1% 的琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 的提取质量, 采用 NanoDrop 2000 (ThermoFisher Scientific 公司)测定 DNA 浓度和纯度。

以上述提取的 DNA 为模板, 使用携带 barcode 序列的上游引物 338F (5'-ACTCCTACGGAGGCAGCAG-3') 和 806R (5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3') 对 16S rRNA 基因 V3-V4 可变区进行 PCR 扩增; 使用 ITS1F (5'-CTTGGTCATTTAGAGGAAGTAA-3') 和 ITS2R (5'-GCTGCGTTCTTCATCGATGC-3') 对 ITS1 区进行 PCR 扩增。PCR 反应体系: 5×TransStart *FastPfu* 缓冲液 4 μL , dNTPs (2.5 mmol/L) 2 μL , 上、下游引物 (5 $\mu\text{mol/L}$) 各 0.8 μL , TransStart *FastPfu* DNA 聚合酶 (2.5 U/ μL) 0.4 μL , 模板 DNA 10 ng, 补足至 20 μL 。PCR 反应程序: 95 °C 预变性 3 min; 95 °C 变性 30 s, 55 °C 退火 30 s, 72 °C 延伸 30 s, 共 27 个循环; 72 °C 终延伸 10 min; 4 °C 保存。使用 2% 琼脂糖凝胶回收 PCR 产物, 利用 DNA 凝胶回收纯化试剂盒 (PCR Clean-Up Kit, 上海美吉逾华生物医药科技有限公司)进行回收产物纯化, 并用 Qubit 4.0 (ThermoFisher Scientific 公司)对回收产物进行检测定量。

使用 NEXTFLEX Rapid DNA-Seq Kit (Bioo Scientific 公司)对纯化后的 PCR 产物进行建库: (1) 接头链接; (2) 使用磁珠筛选去除接头自连片段; (3) 利用 PCR 扩增进行文库模板的富集; (4) 磁珠回收 PCR 产物得到最终的文库。利用 Illumina NextSeq2000 平台进行测序 (上海美吉生物医药科技有限公司)。原始数据存储在 国家微生物科学数据中心 (<http://nmdec.cn>), 编号为 NMDC40093162。

1.4 数据处理及统计分析

1.4.1 高通量测序数据处理

使用 fastp^[24] (<https://github.com/OpenGene/fastp>, version 0.19.6) 软件对双端原始测序序列进行质控, 使用 FLASH^[25] (<http://www.cbcb.umd.edu/software/flash>, version 1.2.11) 软件进行拼接: (1) 过滤 reads 尾部质量值 20 以下的碱基, 设置 50 bp 的窗口, 如果窗口内的平均质量值低于 20, 从窗口开始截去后端碱基, 过滤质控后长度小于 50 bp 的 reads, 去除含 N 碱基的 reads; (2) 根据 PE reads 之间的 overlap 关系, 将成对 reads 拼接 (merge) 成一条序列, 最小 overlap 长度为 10 bp; (3) 拼接序列的 overlap 区允许的最大错配比率为 0.2, 筛选不符合的序列; (4) 根据序列首尾两端的 barcode 和引物区分样品, 并调整序列方向, barcode 允许的错配数为 0, 最大引物错配数为 2。使用 UPARSE v7.1^[26-27] 软件 (<http://drive5.com/uparse/>), 根据 97% 的相似度对质控拼接后的序列进行操作分类单元 (operational taxonomic unit, OTU) 聚类并剔除嵌合体。为了尽量减少测序深度对后续 α 多样性和 β 多样性数据分析的影响, 将所有样本序列数抽平至 20 000, 抽平后, 每个样本的平均序列覆盖度 (Good's coverage) 仍可达 99.09%。利用 RDP classifier^[28] (<http://rdp.cme.msu.edu/>, version 2.11) 比对 Silva 16S rRNA 基因数据库 (v138) 进行 OTU 物种分类学注释, 置信度阈值为 70%, 并在不同物种分类水平下统计每个样本的群落组成。

1.4.2 统计分析

测序获得的数据在美吉云平台(<https://cloud.majorbio.com/>)进行处理和分析。利用云平台工具进行 α 多样性指数(Coverage、ACE 指数、Chao1 指数、Shannon 指数和 Simpson 指数)分析^[29]、 β 多样性的主坐标分析(principal coordinates analysis, PCoA)、非度量多维尺度分析(non-metric multidimensional scaling, NMDS)、物种组成分析、冗余分析(redundancy analysis, RDA)、物种与环境因子相关性热图分析, 使用 PICRUST2^[29-30](version 2.2.0)软件进行 16S rRNA 基因功能预测分析。

2 结果与分析

2.1 健康与患病西瓜根际土壤理化性质差异

西瓜枯萎病的发生显著改变了根际土壤的理化性质(表 1)。与健康植株(HT 组)相比, 患病植株(FT 组)根际土壤的 TP、AP、AK 和 NO_3^- -N 含量均显著降低($P < 0.05$), 降幅分别为 39.50%、26.90%、45.70% 和 18.20%。其中, AK 的降幅最为显著。TN、AN、 NH_4^+ -N、OM 含量及 pH 值在两组间虽未达到显著水平($P > 0.05$), 但均呈现出 HT 组高于 FT 组的趋势, OM 与 pH 分别降低了 14.0% 和 0.16 个单位。这些结果表明, 枯萎病导致根际土壤磷钾养分严重耗竭, 并可能加剧了土壤的贫瘠化与酸化倾向。

2.2 健康与患病西瓜植株根际微生物 OTU 水平变化

根据高通量测序结果对序列进行统计, 土

壤样品细菌 16S rRNA 基因测序得到 448 520 条有效序列, 平均序列长度为 419 bp。在 97% 的相似性水平上将 OTU 聚类后得到 4 397 个细菌 OTUs。真菌 ITS rDNA 得到 526 521 条有效序列, 平均序列长度为 265 bp, 在 97% 的相似水平下聚类分析得到 737 个真菌 OTUs。根据稀释曲线(图 1)可知, 细菌(图 1A)、真菌(图 1B)的 Sobs 指数曲线均快速上升后趋于平缓, 且 HT 组与 FT 组曲线基本重合于平台期, 这表明测序数据已覆盖样本中绝大多数微生物物种, 继续增加测序量不会产生新的 OTU, 当前数据能够真实反映根际土壤微生物群落的组成, 测序量合理。

Venn 图分析结果表明(图 2), 患病与健康西瓜间的根际土壤细菌和真菌群落均存在一定的差别。细菌群落(图 2A)中, HT 组含 2 177 个 OTUs, 其中特有 OTUs 294 个(占 HT 组总 OTUs 的 11.70%); FT 组含 2 220 个 OTUs, 其中特有 OTUs 337 个(占 FT 组总 OTUs 的 13.41%); 两组共有 OTUs 1 883 个(占总细菌 OTUs 的 74.90%)。真菌群落(图 2B)中, HT 组含 333 个 OTUs, 其中特有 OTUs 104 个(占 HT 组总 OTUs 的 20.47%); FT 组含 404 个 OTUs, 其中特有 OTUs 175 个(占 FT 组总 OTUs 的 34.45%); 两组共有 OTUs 229 个(占总真菌 OTUs 的 45.08%)。特有 OTUs 数量的差异表明, 枯萎病显著改变了根际微生物的“特有物种库”构成, FT 组细菌与真菌的特有 OTUs 数量均多于 HT 组, 表明在患病植株根际中富集的特有 OTUs 可能包含与病害进程相关的菌群。

表1 西瓜患病植株和健康植株根际土壤化学性质

Table 1 Physicochemical properties of rhizosphere soil from diseased and healthy watermelon plants

Sample ID	Total nitrogen (g/kg)	Total phosphorus (g/kg)	Available phosphorus (g/kg)	Available potassium (g/kg)	Alkali-hydrolyzable nitrogen (g/kg)	Ammonium nitrogen (g/kg)	Nitrate nitrogen (g/kg)	Organic matter (g/kg)	pH
HT	2.78±0.37a	3.96±0.18a	0.26±0.01a	1.27±0.18a	0.63±0.18a	0.04±0.00a	0.11±0.04a	44.46±3.12a	5.23±0.23a
FT	2.28±0.23a	2.77±0.15b	0.19±0.00b	0.69±0.09b	0.42±0.06a	0.04±0.01a	0.09±0.01b	38.22±3.23a	5.07±0.17a

Different lowercase letters after the data in the same column indicate significant differences ($P < 0.05$).

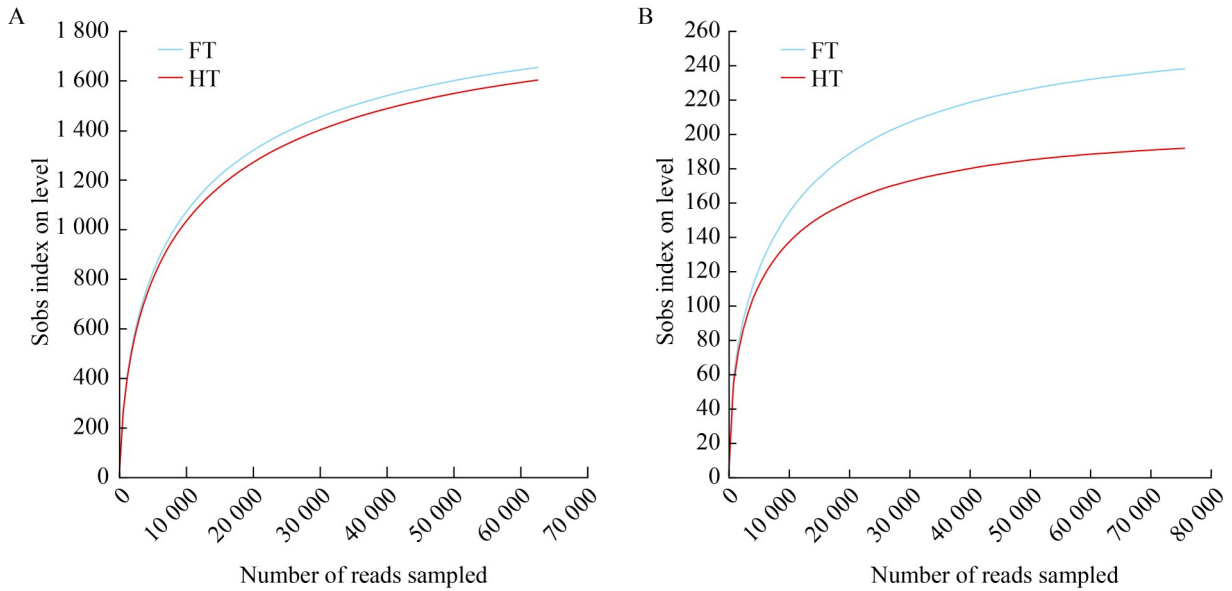


图1 相似度为0.97条件下土壤细菌(A)和真菌(B) Sobs指数稀释曲线

Figure 1 Rarefaction curves of soil bacterial (A) and fungal (B) communities (at 97% similarity) based on the Sobs index.

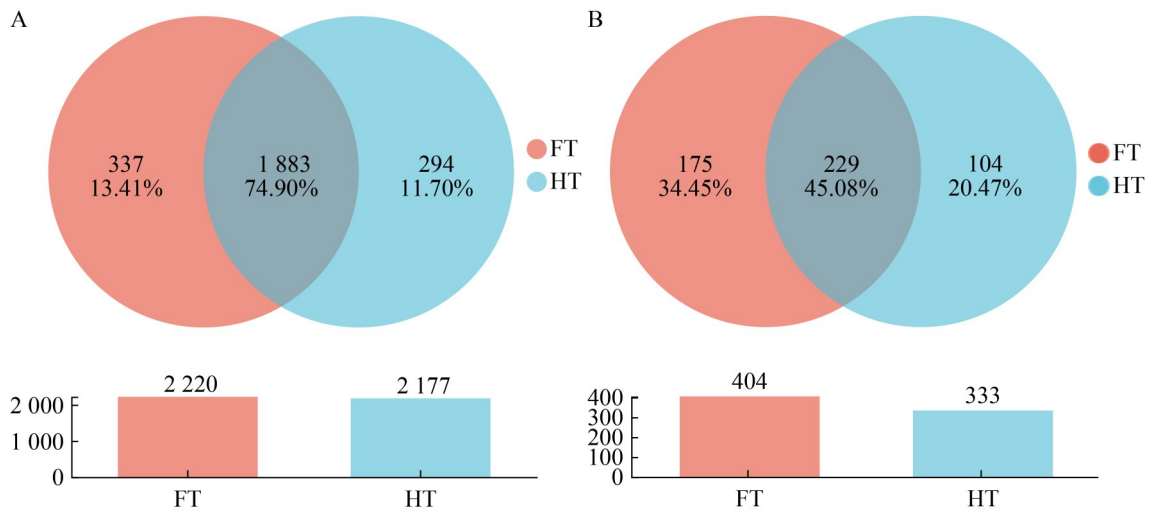


图2 OTUs水平上西瓜健康植株和患病植株根际土壤细菌(A)和真菌(B)群落组成Venn图

Figure 2 Venn diagram showing the composition of bacterial (A) and fungal (B) communities in the rhizosphere soil of healthy and diseased watermelon plants at the OTUs level.

2.3 健康与患病西瓜植株根际微生物多样性

2.3.1 根际微生物 α 多样性

α 多样性指数(表 2)揭示了枯萎病对根际微生物群落丰富度、均匀度的调控效应。FT 组细

菌 ACE 指数 ($1\ 885.59 \pm 93.26$)、Chao1 指数 ($1\ 879.47 \pm 80.23$)、Shannon 指数 (5.84 ± 0.17) 均高于 HT 组 ($1\ 700.80 \pm 8.98$ 、 $1\ 680.11 \pm 17.64$ 、 5.54 ± 0.11), 但差异不显著 ($P > 0.05$), 表明病害未显著改变细菌群落的整体丰富度与多样性; 而 HT 组细菌 Simpson 指数 ($0.016\ 1 \pm 0.012\ 0$) 显著高于 FT

表2 西瓜患病植株和健康植株根际土壤细菌和真菌 α 多样性指数

Table 2 Alpha diversity indices of bacterial and fungal communities in the rhizosphere soil of diseased and healthy watermelon plants

Microbiome	Sample name	ACE index	Chao1 index	Simpson index	Shannon index	Coverage ratio (%)
Bacteria	HT	1 700.80±8.98a	1 680.11±17.64a	0.016 1±0.012 0a	5.54±0.11a	99.65
	FT	1 885.59±93.26a	1 879.47±80.23a	0.010 9±0.001 0b	5.84±0.17a	99.65
Fungi	HT	177.77±11.42a	175.56±10.69a	0.225 4±0.028 0a	2.22±0.07a	99.98
	FT	277.10±8.76b	276.04±7.51b	0.119 3±0.015 0b	2.87±0.06b	99.97

Different lowercase letters after the data in the same column indicate significant differences ($P<0.05$).

组(0.010 9±0.001 0) ($P<0.05$)。与细菌不同, FT组真菌的 ACE 指数(277.10±8.76)、Chao1 指数(276.04±7.51)、Shannon 指数(2.87±0.06)均显著高于 HT 组(177.77±11.42、175.56±10.69、2.22±0.07) ($P<0.05$), 表明病害显著提升了真菌群落的丰富度与多样性; 同时, HT 组真菌 Simpson 指数(0.225 4±0.028 0)显著高于 FT 组(0.119 3±0.015 0) ($P<0.05$), 说明患病后真菌群落均匀度下降, 表明富集的病原菌竞争其他真菌的生态位, 导致群落结构失衡。

2.3.2 根际微生物 β 多样性差异

β 多样性分析(PCoA 与 NMDS)进一步量化了健康与患病植株根际微生物群落的结构分异程度。基于 Weighted-UniFrac 距离的 PCoA 结果显示(图 3A、3B), PC1 轴解释率为 30.38%, PC2 轴解释率为 29.19%, 两轴总解释率为 59.57% (>50.00%), 表明坐标轴对细菌群落结构差异的解释能力良好; HT 组与 FT 组样品在 PCoA 图中呈离散分布, 无明显重叠, 说明两组细菌群落结构存在显著分异。对于真菌, PC1 轴解释率为 36.19%, PC2 轴解释率为 29.53%, 两轴总解释率为 65.72% (>50.00%); 与细菌类似, HT 组与 FT 组样品空间分布离散, 重叠率低, 证实真菌群落结构也因病害发生产生显著变化。基于 Bray-Curtis 距离的 NMDS 结果显示(图 3C、3D), 细菌分析的 stress 值为 0.07 (<0.10), 模型模拟效果可靠; HT 组与 FT 组样品无聚集现象, 群落空间分布均匀且完全分离,

表明细菌群落对枯萎病的响应更敏感。真菌分析的 stress 值为 0.00 (<0.10), 模型可靠性极高; HT 组与 FT 组样品虽部分靠近, 但整体仍呈分离趋势, 说明真菌群落结构存在差异, 但相较于细菌群落结构差异更小。综上所述, 枯萎病对根际微生物群落结构的影响具有“细菌敏感、真菌滞后”的特征, 这可能与细菌在根际养分循环中的核心作用有关——病害导致的养分耗竭首先改变细菌群落结构。

2.4 西瓜根际微生物群落组成分析

2.4.1 细菌群落组成

HT 组与 FT 组细菌群落的优势门一致, 均为芽孢杆菌门(*Bacillota*)、假单胞菌门(*Pseudomonadota*)、拟杆菌门(*Bacteroidota*)、酸杆菌门(*Acidobacteriota*)、绿屈挠菌门(*Chloroflexota*), 累积占比>80.00%, 构成根际细菌群落的“核心门类”(图 4A); 但关键门类的相对丰度存在分异。HT 组 *Bacillota* (38.23%)、*Pseudomonadota* (24.17%)、*Bacteroidota* (6.49%)、放线菌门(*Actinomycetota*, 6.56%)的丰度较高, 这些门类多为有益菌门(如 *Bacillota* 可分泌抗菌肽抑制病原菌)。此外, HT 组 *Chloroflexota* (2.89%)与 *Acidobacteriota* (4.41%)的相对丰度更高。

在属水平上(图 4B), HT 组新颖芽孢杆菌属(*Neobacillus*, 8.19%)、嗜氨菌属(*Ammoniphilus*, 3.84%)、芽孢杆菌属(*Bacillus*, 2.61%)的相对丰度高于 FT 组(4.28%、2.77%、2.44%)。相反,

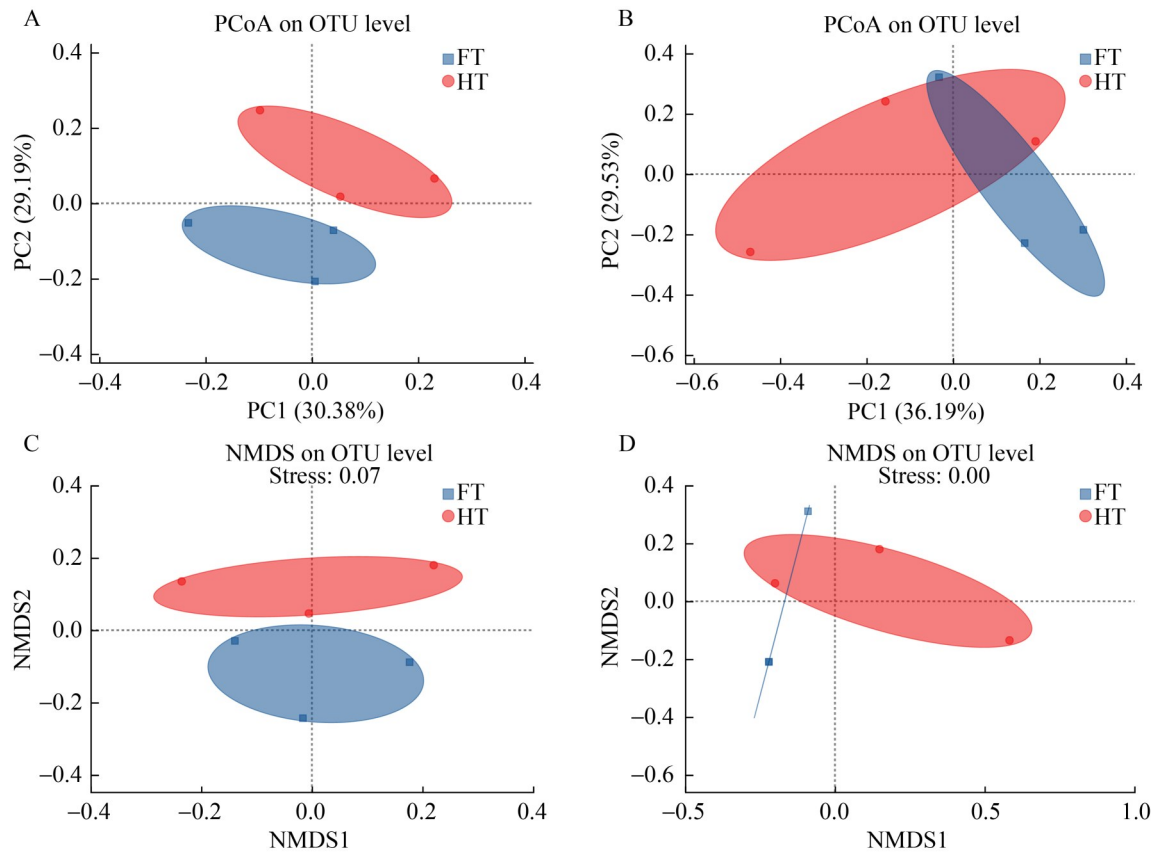


图3 西瓜健康植株和患病植株根际土壤细菌群落PCoA (A)和NMDS (C)分析图及真菌群落PCoA (B)和NMDS (D)分析图

Figure 3 PCoA (A) and NMDS (C) analysis diagrams of bacterial communities in the rhizosphere soil of healthy and diseased watermelon plants, and PCoA (B) and NMDS (D) analysis diagrams of fungal communities.

FT组海洋芽胞杆菌(*Oceanobacillus*, 2.85%)、苔藓杆菌属(*Bryobacter*, 3.50%)及未分类的褚氏杆菌属(*Chujaibacter*, 3.40%)的相对丰度高于HT组(1.28%、1.50%、2.52%)。

2.4.2 真菌群落组成

HT组与FT组真菌群落的优势门为子囊菌门(*Ascomycota*)、壶菌门(*Chytridiomycota*)、担子菌门(*Basidiomycota*), 占比>90%(图5A), 但相对丰度存在差异。FT组*Ascomycota*丰度(44.54%)较HT组(36.15%)有所提升, 是病害发生后最显著富集的真菌门; 已知尖孢镰刀菌(*Fusarium*)属于*Ascomycota*, 其丰度升高是*Ascomycota*占比激增的核心原因。HT组担子菌

门(*Basidiomycota*)丰度为27.69%, FT组降至15.53%, 降幅为12.16%, 这类真菌多具有有机质降解或拮抗病原菌的功能, 其衰退可能削弱根际“抑病能力”。

属水平分析明确了病原菌与有益真菌的变化规律(图5B、5C), FT组镰刀菌属(*Fusarium*)丰度(2.40%)高于HT组(0.06%), 增幅达40倍, 证实*Fusarium*是西瓜枯萎病发生的“核心病原菌”。HT组圆酵母属(*Torula*, 10.70%)、红酵母属(*Rhodotorula*, 5.91%)、克努弗氏菌属(*Knufia*, 5.21%)丰度高于FT组(9.51%、1.21%、0.72%), 这些属可通过产生几丁质酶降解病原菌细胞壁, 其衰退进一步降低根际抑病能力。

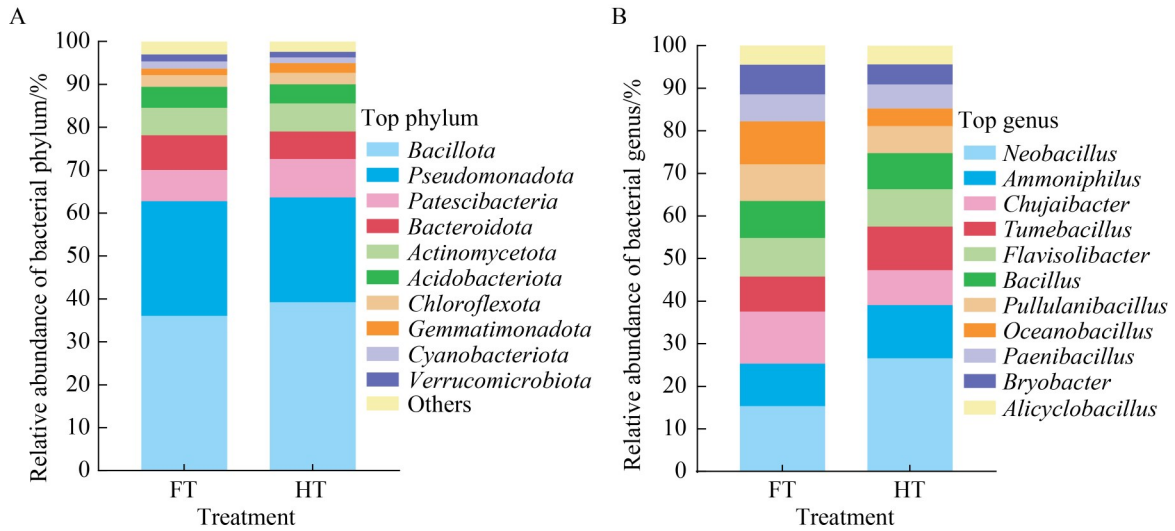


图4 西瓜健康植株和患病植株根际土壤细菌群落门(A)和属(B)水平相对丰度

Figure 4 Relative abundance of bacterial communities at the phylum (A) and genus (B) levels in the rhizosphere soil of healthy and diseased watermelon plants.

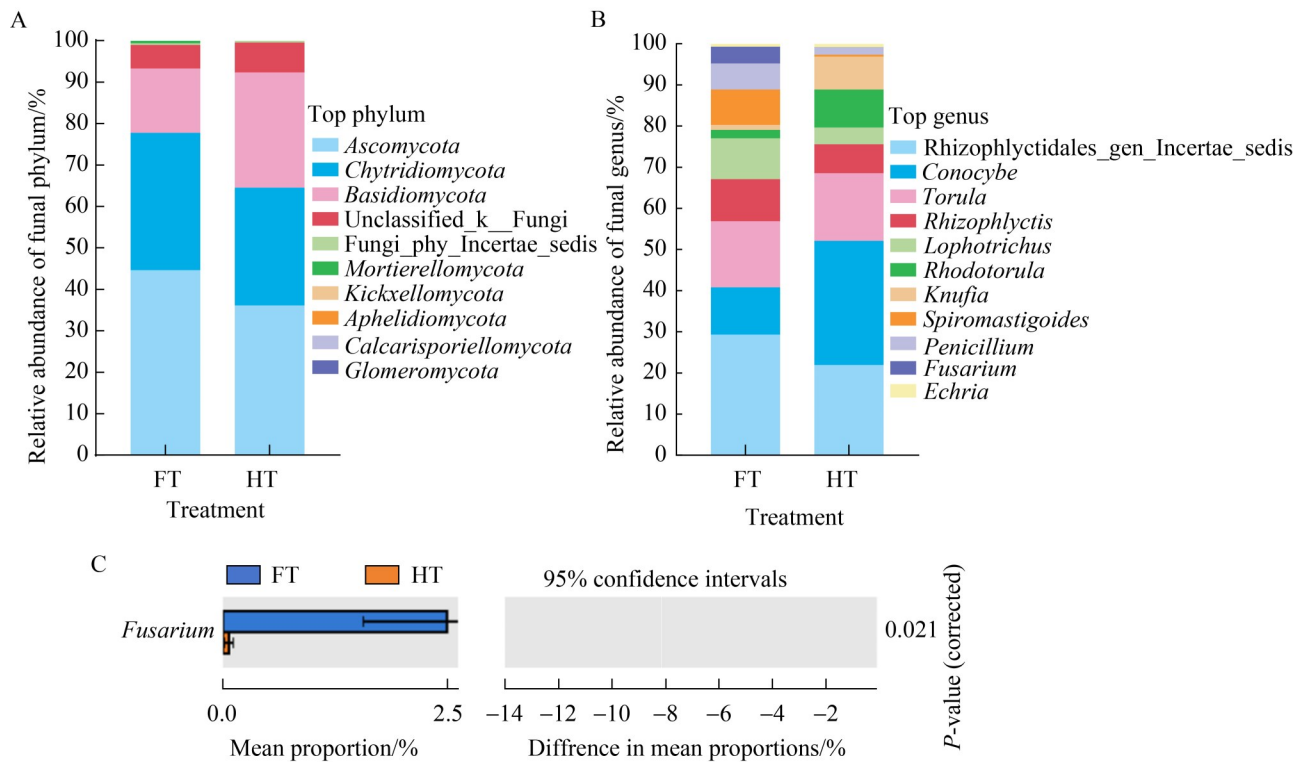


图5 西瓜健康植株和患病植株根际土壤真菌群落门(A)、属(B)和镰刀菌属(C)水平相对丰度

Figure 5 Relative abundance of fungal communities at the phylum (A), genus (B), and *Fusarium* species (C) levels in the rhizosphere soil of healthy and diseased watermelon plants.

2.5 根际微生物群落与土壤理化因子分析

2.5.1 根际微生物群落与土壤理化性质的冗余分析

为量化土壤理化因子对根际微生物群落结构的调控效应,明确驱动群落分异的关键环境因子,对 HT 组与 FT 组西瓜根际微生物群落及土壤理化指标进行冗余分析(RDA)。对于细菌群落(图 6A),RDA 第一排序轴(RDA1)对群落变异的解释率为 45.45%,第二排序轴(RDA2)解释率为 27.38%,两轴累计解释率达 72.83%。在图 6A 中 HT 组与 FT 组样本点沿 RDA1 轴呈现明显的分离趋势。环境因子向量分析显示, TN、TP 和 OM 与 RDA1 呈强正相关,且其向量指向 HT 组样本聚集区域,表明这些养分含量的提升可能有利于以 *Bacillota* 和 *Actinomycetota* 为代表的有益细菌类群的富集。相反, AP 和 AK 的向量指向 RDA1 负方向,并与 FT 组样本分布显著关联,说明这 2 种速效养分的相对缺乏可能与细菌群落结构向 *Chloroflexota* 等腐生营养型菌群主导的方向演变有关。

对于真菌群落(图 6B),RDA 前两轴累计解释了 96.43% 的群落变异,解释率略高于细菌群落,表明土壤理化因子对真菌群落组装可能具有更强的筛选作用。RDA1 (解释率 64.52%)同样成为区分 HT 组与 FT 组的关键轴。其中, TN 和 OM 与 HT 组样本呈正相关,显示丰富的氮源和有机碳有利于 *Rhodotorula* 等有益真菌的增殖。与之相反, AK 的向量与 FT 组样本分布呈负相关,是驱动真菌群落分异的核心环境因子。

2.5.2 根际微生物优势类群与土壤理化因子的 Spearman 相关性

为进一步明确属水平优势微生物类群与土壤理化因子的具体关联方向及强度,基于 Spearman 相关性分析绘制热图(图 7)。对于细菌群落(图 7A),OM 以及 TN 与 *Chujaibacter* 呈显著负相关($r=-0.83, P<0.05$),表明 *Chujaibacter* 可能导致土壤退化;硝态氮(NO_3^--N)与普鲁兰杆菌属(*Pullulanibacillus*)呈极显著负相关($r=-0.94, P<0.01$),因 *Pullulanibacillus* 能利用多种碳源,导致碳氮比失衡; NH_4^+-N 与海洋芽孢杆菌属(*Oceanobacillus*)呈极显著负相关($r=-0.99, P<$

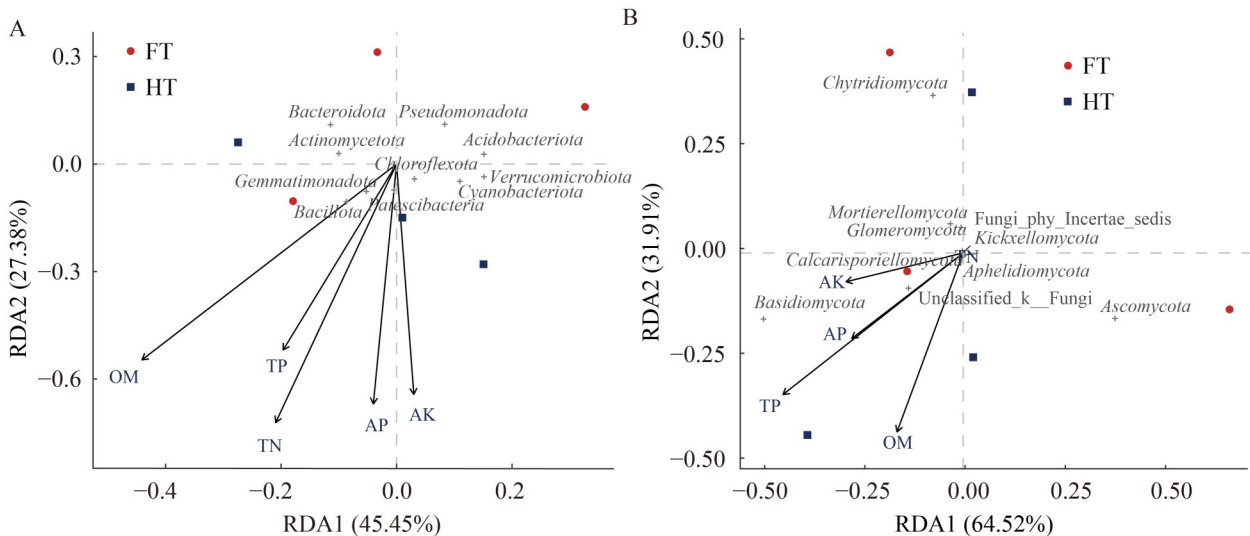


图6 西瓜健康植株和患病植株根际细菌(A)和真菌(B)群落与土壤养分指标的RDA分析

Figure 6 RDA analysis of rhizosphere bacterial (A) and fungal (B) communities and soil nutrient indicators in healthy and diseased watermelon plants.

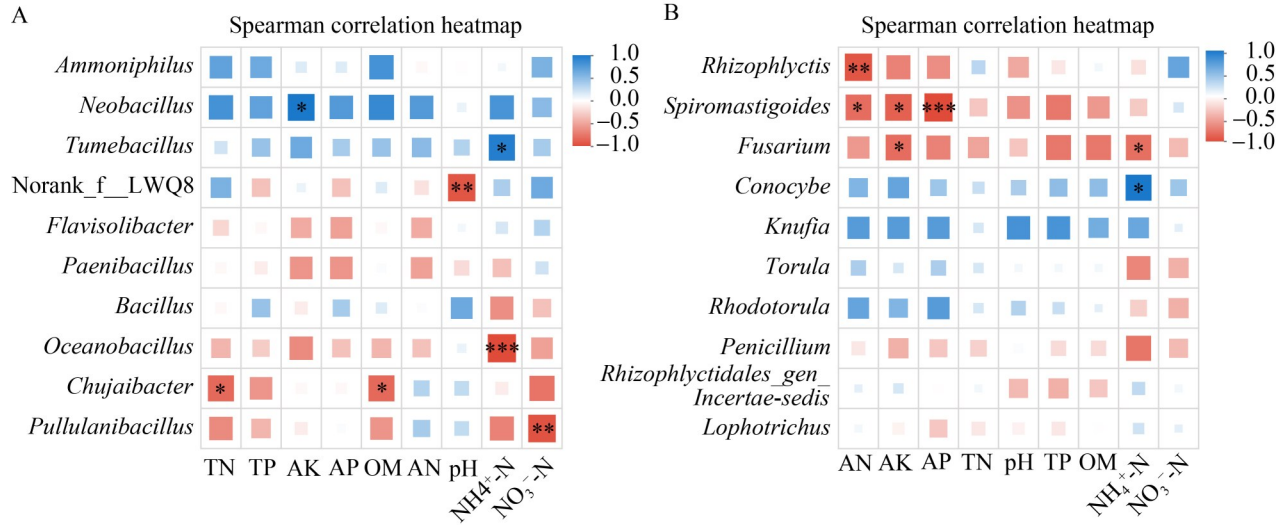


图7 西瓜根际土壤在属水平上细菌(A)和真菌(B)群落相关性热图

Figure 7 Heatmap showing Spearman correlations between dominant bacterial (A) and fungal (B) genera at the genus level and soil physicochemical properties in watermelon rhizosphere soil. TN: Total nitrogen; TP: Total phosphorus; AK: Available potassium; AP: Available phosphorus; OM: Organic matter; AN: Alkaline hydrolyzable nitrogen; $\text{NH}_4^+\text{-N}$: Ammonium nitrogen; $\text{O}_3^-\text{-N}$: Nitrate nitrogen. * indicates a significant correlation ($P < 0.05$); ** indicates a highly significant correlation ($P < 0.01$); *** indicates an extremely significant correlation ($P < 0.001$).

0.001), 与肿胀芽胞杆菌属(*Tumebacillus*)呈显著正相关($r=0.84$, $P < 0.05$), 因部分 *Oceanobacillus* 能利用氮源, 可以通过代谢活动降低 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 的含量; AK 与新颖芽孢杆菌属(*Neobacillus*)呈显著正相关($r=0.89$, $P < 0.05$), 表明 *Neobacillus* 在根际钾素活化中的功能角色, AK 含量越高其丰度同步升高; 对于真菌群落(图 7B), $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 与锥盖伞属(*Conocybe*)呈显著正相关($r=0.84$, $P < 0.05$), 与病原菌镰刀菌属(*Fusarium*)呈显著负相关($r=-0.81$, $P < 0.05$), 说明 *Conocybe* 作为腐生真菌, 参与土壤中有机物的分解和循环, 为 *Fusarium* 的菌丝生长和孢子繁殖提供了充足的碳氮源, 而 *Fusarium* 的丰度增加显著降低了土壤中 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 的含量; AP 与螺旋鞭毛菌属(*Spiromastigoides*)呈极显著负相关($r=-1.00$, $P < 0.001$); AK 与 *Fusarium*、*Spiromastigoides* 呈显著负相关($r=-0.83$ 、 $r=-0.89$, $P < 0.05$), 推测土壤养分失衡可能导致植物生长不良, 从而降低

植物的抗病能力, 使镰刀菌更容易侵染, 与 2.1 节中 FT 速效钾含量对比 HT 组大幅降低的结果一致; AN 与 *Spiromastigoides* 呈显著负相关($r=-0.83$, $P < 0.05$), 与根囊壶菌属(*Rhizophlyctis*)呈极显著负相关($r=-0.94$, $P < 0.01$).

2.6 根际微生物群落功能预测分析

为揭示健康与患病西瓜根际微生物群在功能潜力上的差异, 基于 KEGG 数据库在酶(EC)水平进行了功能丰度比较(图 8)。热图结果显示, 两组样本在多个核心代谢与调控相关酶的基因丰度上存在明显差异。在细菌群落中 FT 组在 DNA 指导的 DNA 聚合酶(DNA-directed DNA polymerase)、DNA 解旋酶(DNA helicase)、组氨酸激酶(histidine kinase)、NADH-泛醌还原酶(NADH-ubiquinone reductase) ($\text{H}^+\text{-translocating}$)等与 DNA 复制、修复、信号转导及能量代谢相关的酶基因上表现出更高的预测丰度(图 8A)。尤其是细胞色素 c 氧化酶(cytochrome c oxidase)与

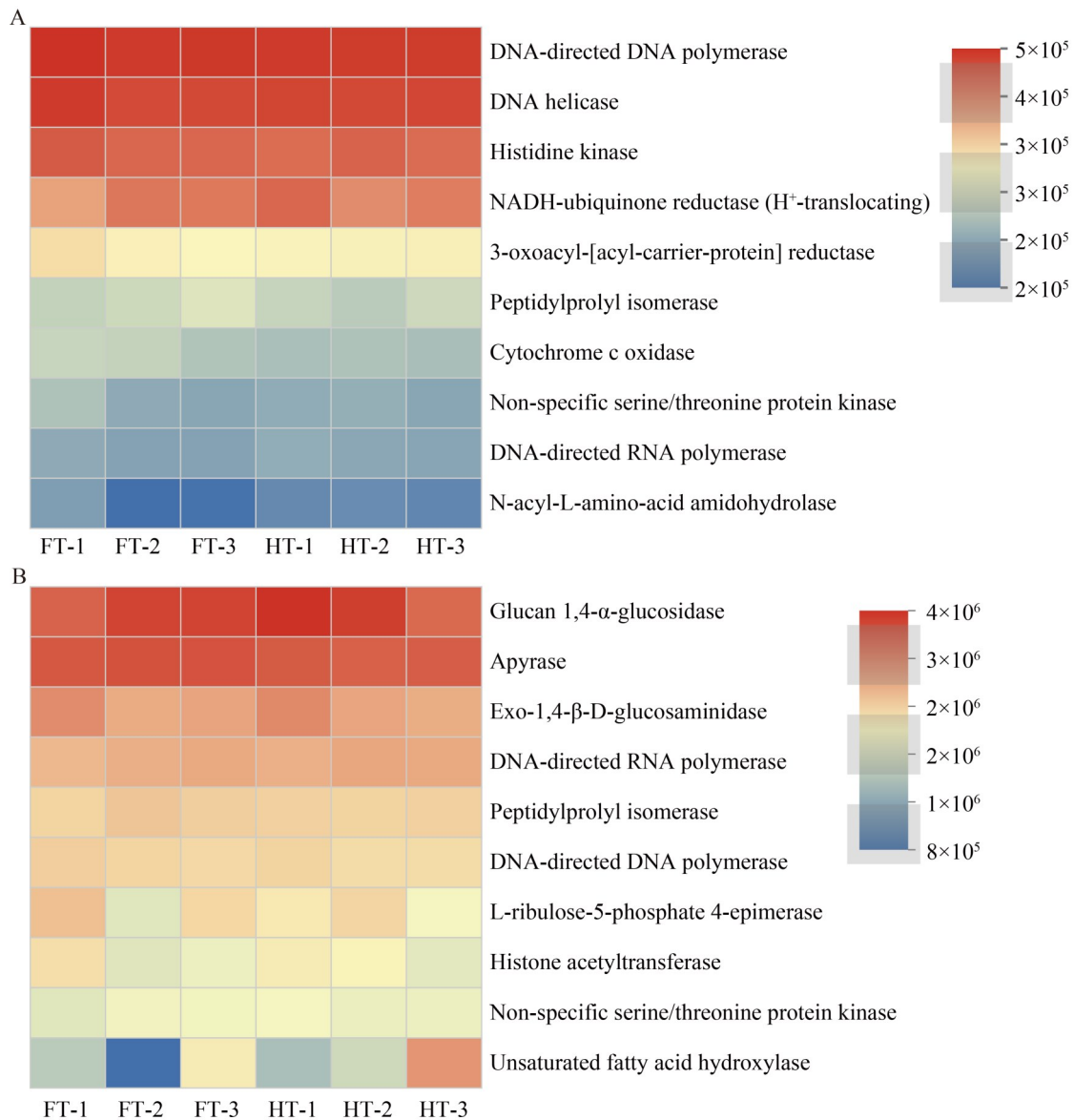


图8 基于KEGG功能预测的健康与患病西瓜根际细菌(A)和真菌(B)群落代谢通路差异热图

Figure 8 Heatmaps showing differences in predicted metabolic pathways for rhizosphere bacterial (A) and fungal (B) communities between healthy and diseased watermelon plants, based on KEGG functional prediction.

非特异性丝氨酸/苏氨酸蛋白激酶(non-specific serine/threonine protein kinase)在 FT 组中明显富集, 提示患病根际环境中细菌群落的能量代谢与应激响应活动更为活跃, 这可能与病原菌感染导致的根系分泌物组成改变、养分竞争加剧等逆境条件相关。真菌群落中(图 8B), FT 组在葡聚糖 1, 4- α -葡萄糖苷酶(glucan 1, 4- α -

glucosidase)、腺苷三磷酸双磷酸酶(apyrase)、外切-1,4- β -D-葡糖胺酶(exo-1,4- β -D-glucosaminidase)等与细胞壁降解与碳水化合物代谢相关的酶基因上丰度显著升高, 表明病原真菌(如镰刀菌属)及其伴随的腐生真菌在病害环境中可能增强了对植物源多糖与真菌细胞壁成分利用能力。同时, 组蛋白乙酰转移酶(histone acetyltransferase)与

不饱和脂肪酸水解酶 (unsaturated fatty acid hydrolase) 等在 FT 组中的高表达, 暗示真菌表观遗传调控与脂质代谢在病害进程中可能发挥重要作用。

3 讨论

本研究以湖南邵阳红壤区西瓜主产区为对象, 系统解析了西瓜枯萎病发生对根际土壤理化性质、微生物群落结构的影响及关键驱动因子。

3.1 西瓜枯萎病诱导的根际土壤理化性质演变特征

本研究发现, 西瓜感染枯萎病后根际土壤 TP、AP、AK 含量显著下降, 降幅分别达 39.50%、26.90%、45.70% ($P < 0.05$), 这与陈杰等^[31]在马铃薯连作病株根际观察到的全磷含量显著低于健康株结果一致, 印证了土传病害发生与根际磷钾养分耗竭的关联性。从机制上看, 尖孢镰刀菌西瓜专化型 (*Fusarium oxysporum* f. sp. *niveum*) 侵染导致西瓜根系维管束堵塞、根毛坏死, 养分吸收能力显著削弱^[3], 未被吸收的磷钾可能通过根系分泌物 (如有机酸) 与病原菌代谢产物 (如胞外多糖) 的络合作用转化为无效态, 进而表现为土壤有效养分库萎缩; 其中 AK 降幅最大, 可能与钾素在植物抗逆中的核心作用相关——钾通过调控植物细胞壁厚度、过氧化物酶活性增强抗病性^[4], 而病害发生后植株钾吸收受阻, 进一步加剧“钾亏缺-抗性下降-病害加重”的恶性循环, 这一发现为西瓜枯萎病防控中“补钾提质”提供了直接数据支撑。此外, 患病组根际土壤 pH 值从 5.23 降至 5.07, 虽未达显著水平, 但与涂祖新等^[32]在赣南脐橙黄龙病根际观察到的酸性土壤利于病原菌富集规律一致, 红壤本身的酸性特性 (pH 5.0–5.5) 与病害诱导的酸化叠加, 可能通过抑制芽孢杆菌属 (*Bacillus*) 等嗜中性有益菌繁殖、促进 *Fusarium* 等耐酸病原菌生长^[33], 进一步恶化根际微环境。

3.2 枯萎病对根际微生物多样性的调控效应

本研究中患病组细菌 ACE/Chao1 指数高于健康组, 但 Simpson 指数显著降低 ($P < 0.05$), 这与侯嘉玮等^[15]健康西瓜根际细菌多样性更高的研究存在差异, 核心原因在于取样区域的土壤类型与病害阶段的特殊性: 本研究区域为酸性红壤, 病害发生后根系腐烂释放的有机质 (如纤维素、氨基酸) 为 *Chloroflexota* 等腐生菌提供了充足碳源^[8], 导致细菌丰富度升高, 但 *Bacillota*、*Actinomycetota* 等有益菌的衰退使得群落均匀度显著下降, 形成了红壤酸化生境下丰富度升高但稳定性降低的独特特征。真菌群落表现为 ACE/Chao1 指数显著升高 ($P < 0.05$)、均匀度显著降低 ($P < 0.05$), 与唐冬兰等^[34]草莓枯萎病根际病原菌富集导致真菌多样性升高、均匀度下降的结果一致。Shen 等^[35]研究发现连作条件下真菌的丰富度显著增加, 说明主要是群落结构的恶化导致病害的加剧, 群落结构的变化对植物健康和病害抑制更为关键。由此推测, *Fusarium* 的大量繁殖挤压了 *Rhodotorula*、*Knufia* 等有益真菌的生态位, 同时诱导其他病原菌增殖, 最终导致真菌群落结构紊乱。 β 多样性分析显示, 细菌群落在 PCoA/NMDS 图中完全分离, 而真菌群落部分重叠, 表明细菌对病害的响应更敏感, 这与细菌在根际磷钾活化、有机质分解中的核心功能密切相关^[36]。磷钾养分的剧烈变化直接影响磷钾循环相关细菌的定殖, 而真菌对环境变化的适应性更强, 因此分异程度较弱, 这一发现为靶向调控细菌群落防控枯萎病提供了新思路。

3.3 根际微生物群落组成与病害发生的关联

门水平上, 健康组 *Bacillota*、*Bacteroidota* 丰度高于患病组, 其中 *Bacillota* 作为根际核心有益菌门, 可通过分泌 iturin、surfactin 等抗菌肽抑制 *Fusarium* 菌丝生长^[9], 其丰度从 38.23%

降至 35.52%，直接削弱了根际“生物屏障”功能；而患病组 *Ascomycota* 丰度升高，主要源于 *Fusarium* 的富集，该病原菌可通过分泌纤维素酶、果胶酶破坏根系细胞壁，同时竞争根际碳氮源形成优势生态位，这与 Carrión 等^[7]提出的“病原菌富集-有益菌衰退”微生态失衡理论高度契合。属水平上，健康组 *Neobacillus*、*Bacillus*、*Paenibacillus* 等有益菌属丰度更高，这些类群不仅能分泌拮抗物质，还可诱导植物系统抗性 (induced systemic resistance, ISR)^[9]，其衰退进一步降低了植株对 *Fusarium* 的抵御能力；值得注意的是，患病组 *Burkholderia*-*Caballeronia*-*Paraburkholderia* 复合群丰度升高，该复合群部分成员具有促病性^[37]，可能通过与 *Fusarium* 协同竞争铁元素(如分泌铁载体)，进一步加剧根际资源争夺，这一病原菌-杂菌协同促病现象此前在西瓜枯萎病研究中报道较少，为解析病害暴发的复杂性提供了新视角。综上所述，西瓜枯萎病的发生直接导致根际微生物群落组成发生变化：病原菌 *Fusarium* 特异性暴发式富集，而多个有益细菌和真菌类群则同步衰退。不仅是病害发生的结果，也极有可能是推动病情恶化的关键微生物学原因。对其中关键物种(如 *Fusarium*、*Neobacillus*、*Bacillus*)及其相互关系的深入解析，是未来开发靶向微生物调控技术的核心。

3.4 土壤理化因子与微生物群落的互作机制及调控优先级

冗余分析(RDA)与 Spearman 相关性分析清晰地揭示了驱动健康与患病西瓜根际微生物群落分异的关键土壤因子及其互作机制。这些结果为深入理解“土壤环境-微生物群落-病害发生”三者间的关联提供了量化依据。RDA 结果显示，TN、TP、OM 是驱动细菌群落结构差异的关键因子(总解释率达 72.83%)。其中，TN 和 OM 向量与 HT 组样本分布呈强正相关，与健康组根际 *Bacillus*、*Neobacillus* 等有益菌丰度较高的结果一致，表明充足的氮源和有机碳有利于构建有

益菌主导的细菌群落^[38]。对于真菌群落，TN、OM、AK 是调控其分异的核心因子(总解释率达 96.43%)。AK 与 FT 组样本呈显著负相关，与患病组 *Fusarium* 丰度急剧升高、AK 含量显著下降的结果一致，凸显了 AK 在抑制病原真菌富集中的关键作用。

Spearman 相关性进一步揭示了具体互作机制：首先，AK 与 *Neobacillus* 呈显著正相关，而与 *Fusarium*、*Spiromastigoides* 呈显著负相关，说明 AK 不仅是促进有益菌定殖的重要因子，同时也是抑制病原菌扩张的关键限制因子^[39]。结合 FT 组 AK 含量大幅降低，*Neobacillus* 丰度下降、*Fusarium* 丰度升高，推测西瓜枯萎病形成了“AK 缺乏-有益菌衰退-病原菌富集-AK 进一步缺乏”的恶性闭环。这一过程凸显钾素在病害发生中的核心调控地位^[40-41]。其次，氮素形态对细菌和真菌群落的影响差异显著。 NH_4^+ -N 与 *Oceanobacillus* 呈极显著负相关，与 *Tumebacillus* 呈显著正相关，提示氮源类型能够选择性驱动特定细菌群落的定殖^[42]；同时， NH_4^+ -N 与 *Conocybe* 呈显著正相关，与 *Fusarium* 呈显著负相关，表明在铵态氮较高时病原菌丰度相对受限，但氮素降低则可能给病原菌提供竞争优势^[43]。与之相对， NO_3^- -N 与 *Pullulanibacillus* 极显著负相关，可能反映出硝态氮过多时抑制部分有益细菌的定殖，从而间接削弱群落稳定性。OM 与 *Chujaibacter* 显著负相关，提示其在有机碳源丰富时可能促进该属扩张，进而加剧土壤退化或养分失衡；真菌中， NH_4^+ -N 与 *Conocybe* 呈正相关，说明腐生真菌通过有机质分解可能为 *Fusarium* 等病原菌提供养分支撑。除钾、氮外，其他因子也扮演着重要角色，AP 与 *Spiromastigoides* 极显著负相关，AN 与 *Spiromastigoides*、*Rhizophlyctis* 均呈显著负相关，表明磷、氮养分的匮乏可能为部分腐生或机会性真菌的扩张创造了条件^[44]。综上所述，本研究揭示了土壤养分对微生物群落的调控优先级：AK 是影响病害发生与有益菌/病原菌平

衡的最核心限制因子；其次是氮素形态；再次是 OM 总量作为微生物代谢的基础；而 AP 和 AN 的含量则主要关联腐生真菌群落的动态。该排序不仅反映了养分驱动下“有益菌-病原菌-腐生菌”之间的竞争格局，也为制定补钾优先、调氮分形、增碳稳群、合理施磷的综合防控策略提供了量化依据。

3.5 根际微生物功能潜力变化揭示的病害相关代谢响应

基于 PICRUST2 对 KEGG 功能的预测结果表明，西瓜枯萎病的发生不仅改变了根际微生物的物种组成，也深刻影响了其潜在的代谢功能，这可能为病原菌的侵染定殖和根际环境适应提供了功能基础。FT 组根际细菌群落在多个与遗传信息处理及能量代谢相关的通路上表现出更高的基因丰度。例如，DNA 指导的 DNA 聚合酶和 DNA 解旋酶的丰度增加，提示患病根际细菌群落的遗传物质复制与修复活动可能更为活跃，这可能是应对由病原菌侵染和根系分泌物改变引起的环境胁迫的一种响应^[45]。同时，组氨酸激酶和非特异性丝氨酸/苏氨酸蛋白激酶丰度的升高，反映了细菌感知和应答环境信号的潜力增强。在能量代谢方面，NADH-泛醌还原酶和细胞色素 c 氧化酶的富集，表明患病根际细菌群落的电子传递链与氧化磷酸化过程可能更为旺盛，满足在逆境条件下更高的能量需求^[46]。这些功能变化表明枯萎病导致的根际环境压力，可能筛选并富集了具有更强环境适应力、应激响应能力和活跃能量代谢的细菌类群。对于真菌群落，功能预测揭示了与侵染和营养获取更为直接相关的功能变化。患病组中，多种与细胞壁降解相关的酶基因丰度显著升高，如葡聚糖 1,4- α -葡萄糖苷酶和外切-1,4- β -D-葡糖胺酶。这些酶能够降解植物细胞壁成分，其丰度的增加与 *Fusarium* 的富集高度一致，为病原菌侵染寄主、破坏根系组织提供了直接的酶学功能证据^[47-48]。此外，腺苷三磷酸双磷酸酶的

富集可能与调控细胞外 ATP 信号有关，参与病原与寄主的互作识别^[49]。更值得注意的是，组蛋白乙酰转移酶和不饱和脂肪酸水解酶在患病组中预测丰度更高，说明在病害进程中真菌群落可能通过表观遗传机制快速适应环境，并调整脂质代谢策略以利于其生存和致病^[50]。

4 结论

本研究以湖南邵阳红壤区‘小玉五号’西瓜为对象，分析健康与枯萎病植株根际土壤理化性质及微生物群落特征，发现西瓜枯萎病显著导致根际土壤磷钾耗竭，总磷、速效磷、速效钾较健康组分别降 39.50%、26.90%、45.70% ($P < 0.05$)，总氮、有机质及 pH 呈下降趋势但差异不显著。西瓜枯萎病对微生物多样性影响具有类群特异性，细菌群落均匀度显著降低，真菌丰富度显著升高、均匀度降低，且细菌对病害响应更敏感(群落完全离散)。群落组成上，患病组芽孢杆菌门等有益菌门及新颖芽孢杆菌属等有益菌属丰度显著下降，而子囊菌门(从 36.15% 升至 44.54%)及病原菌镰刀菌属(从 0.06% 升至 2.40%)丰度显著升高。本研究发现土壤总氮、总磷、有机质是驱动细菌群落的关键因子，总氮、有机质、速效钾是调控真菌群落，尤其是抑制病原菌 *Fusarium* 富集的核心因子，其中，速效钾被发现是连接土壤养分失衡、有益菌衰退与病原菌暴发的关键枢纽。最后基于 KEGG 的预测分析结果，患病根际的细菌群落可能在遗传信息处理、信号转导及能量代谢上更为活跃；而真菌群落则显著富集了与植物细胞壁降解、表观遗传调控等相关的功能基因，为其侵染定殖与生存适应提供了代谢基础。综上所述，西瓜枯萎病的发生是一个涉及土壤养分耗竭、微生物群落结构失衡与功能紊乱的复杂过程，这为制定以补钾稳钾、增施有机质以定向培育有益菌群为核心的西瓜枯萎病绿色生态防控策略提供了重要的理论依据与数据支撑。

作者贡献声明

向左芹: 研究构思与设计, 实验操作与数据分析, 论文撰写与修改; 黄丽芳: 数据分析, 论文撰写与修改; 刘秋梅: 论文撰写与修改; 冯书珍: 研究构思与设计; 周燕: 协助实验操作; 何长征: 研究构思与设计, 指导文章撰写与修改; 何寻阳: 研究构思与设计, 指导文章撰写与修改, 基金获取。

作者利益冲突公开声明

作者声明不存在任何可能会影响本文所报告工作的已知经济利益或个人关系。

参考文献

- [1] 余家庆, 夏咏. 我国西瓜产业现状、问题及建议[J]. 现代化农业, 2024(5): 25-27.
- [2] Hoitink HAJ, Stone AG, Grebus ME. Suppression of plant diseases by composts[M]//The Science of Composting. Dordrecht: Springer Netherlands, 1996: 373-381.
- [3] Meru G, McGregor C. Genotyping by sequencing for SNP discovery and genetic mapping of resistance to race 1 of *Fusarium oxysporum* in watermelon[J]. Scientia Horticulturae, 2016, 209: 31-40.
- [4] Tran-Nguyen LTT, Condé BD, Smith SH, Ulyatt LI. Outbreak of *Fusarium* wilt in seedless watermelon seedlings in the Northern Territory, Australia[J]. Australasian Plant Disease Notes, 2013, 8(1): 5-8.
- [5] Qiu MH, Zhang RF, Xue C, Zhang SS, Li SQ, Zhang N, Shen QR. Application of bio-organic fertilizer can control *Fusarium* wilt of cucumber plants by regulating microbial community of rhizosphere soil[J]. Biology and Fertility of Soils, 2012, 48(7): 807-816.
- [6] 韩哲, 徐丽红, 刘聪, 孔令锐, 吴凤芝, 潘凯. 小麦残茬对连作西瓜生长及根际土壤微生物的影响[J]. 中国农业科学, 2016, 49(5): 952-960.
Han Z, Xu LH, Liu C, Kong LK, Wu FZ, Pan K. Effect of wheat residues on growth and rhizosphere microorganisms of continuously monocropped watermelon[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2016, 49(5): 952-960 (in Chinese).
- [7] Carrión VJ, Perez-Jaramillo J, Cordovez V, Tracanna V, de Hollander M, Ruiz-Buck D, Mendes LW, van Ijcken WFJ, Gomez-Exposito R, Elsayed SS, Mohanraju P, Arifah A, van der Oost J, Paulson JN, Mendes R, van Wezel GP, Medema MH, Raaijmakers JM. Pathogen-induced activation of disease-suppressive functions in the endophytic root microbiome[J]. Science, 2019, 366(6465): 606-612.
- [8] 刘京伟, 李香真, 姚敏杰. 植物根际微生物群落构建的研究进展[J]. 微生物学报, 2021, 61(2): 231-248.
Liu JW, Li XZ, Yao MJ. Research progress on assembly of plant rhizosphere microbial community[J]. Acta Microbiologica Sinica, 2021, 61(2): 231-248 (in Chinese).
- [9] 吴林坤, 林向民, 林文雄. 根系分泌物介导下植物-土壤-微生物互作关系研究进展与展望[J]. 植物生态学报, 2014, 38(3): 298-310.
Wu LK, Lin XM, Lin WX. Advances and perspective in research on plant-soil-microbe interactions mediated by root exudates[J]. Chinese Journal of Plant Ecology, 2014, 38(3): 298-310 (in Chinese).
- [10] 曾青, 熊超, 尹梅, 葛安辉, 韩丽丽, 张丽梅. 植物微生物组生态功能与群落构建过程研究进展[J]. 生物多样性, 2023, 31(4): 182-198.
Zeng Q, Xiong C, Yin M, Ge AH, Han LL, Zhang LM. Research progress on ecological functions and community assembly of plant microbiomes[J]. Biodiversity Science, 2023, 31(4): 182-198 (in Chinese).
- [11] Thomas G, Withall D, Birkett M. Harnessing microbial volatiles to replace pesticides and fertilizers[J]. Microbial Biotechnology, 2020, 13(5): 1366-1376.
- [12] Faheem M, Raza W, Zhong W, Nan Z, Shen QR, Xu YC. Evaluation of the biocontrol potential of *Streptomyces goshikiensis* YCXU against *Fusarium oxysporum* f. sp. *niveum*[J]. Biological Control, 2015, 81: 101-110.
- [13] 赵纪龙, 霍治邦. 西瓜抗枯萎病育种的现状与展望[J]. 农业科技通讯, 2017(1): 32-34.
- [14] 郑明子, 杨丙焯, 杨晶晶, 俞仪阳, 姚协丰, 徐锦华, 郭坚华, 蒋春号. 土壤微生态在西瓜枯萎病发病过程中的变化研究[J]. 土壤, 2022, 54(6): 1185-1192.
Zheng MZ, Yang BY, Yang JJ, Yu YY, Yao XF, Xu JH, Guo JH, Jiang CH. Study on pathogenesis of watermelon *Fusarium* wilt from perspective of soil[J]. Soils, 2022, 54(6): 1185-1192 (in Chinese).
- [15] 侯嘉玮, 马荣, 谷医林, 王星, 张晓霞, 马毅楠. 西瓜枯萎病对根际细菌多样性的影响[J]. 中国土壤与肥料, 2024(2): 97-104.
Hou JW, Ma R, Gu YL, Wang X, Zhang XX, Ma YN. Effects of watermelon *Fusarium* wilt on rhizosphere bacterial diversity[J]. Soil and Fertilizer Sciences in China, 2024(2): 97-104 (in Chinese).
- [16] 谭嘉琦, 龙飞, 袁野, 刘璐, 毋丽丽, 韩莹, 杜鸿波. 基于高通量测序的烟草根黑腐病根际土壤微生物群落结构分析[J]. 陕西农业科学, 2025, 71(1): 96-103.
Tan JQ, Long F, Yuan Y, Liu L, Wu LL, Han Y, Du HB. Analysis of black root rot rhizosphere microbial community structure in tobacco based on high-throughput sequencing[J]. Shaanxi Journal of Agricultural Sciences, 2025, 71(1): 96-103 (in Chinese).
- [17] 孟怡心. 微生物多样性降低对土壤多功能性的影响[J]. 工业微生物, 2023, 53(4): 128-130.
Meng YX. On the impact of decreased microbial diversity on soil multifunctionality[J]. Industrial Microbiology, 2023, 53(4): 128-130 (in Chinese).
- [18] 邵阳市商务局. 邵阳概况[Z/OL]. [2021-07-21]. <https://swj.shaoyang.gov.cn/syswj/syggk/202007/03dab79178a44dd9a0d1de6d2fcedd1c.shtml>.
- [19] Gordon TR. Colonization of muskmelon and nonsusceptible crops by *Fusarium oxysporum* f. sp. *melonis* and other species of *Fusarium*[J]. Phytopathology, 1989, 79(10): 1095.
- [20] Ge AH, Liang ZH, Xiao JL, Zhang Y, Zeng Q, Xiong C,

- Han LL, Wang JT, Zhang LM. Microbial assembly and association network in watermelon rhizosphere after soil fumigation for *Fusarium* wilt control[J]. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 2021, 312: 107336.
- [21] 朱菲莹, 李基光, 张屹, 肖姬玲, 梁志怀. 西瓜根际土壤细菌群落多样性对枯萎病发生的影响[J]. *中国农学通报*, 2018, 34(17): 69-76.
- Zhu FY, Li JG, Zhang Y, Xiao JL, Liang ZH. Watermelon rhizosphere soil bacterial diversity affects the occurrence of *Fusarium* wilt[J]. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2018, 34(17): 69-76 (in Chinese).
- [22] 曾青, 刘四义, 向吉方, 梁志怀, 翟常春, 姚保民, 韩丽丽, 葛安辉, 张丽梅. 西瓜枯萎病抗感品种根际微生物群落特征差异及其与病害发生的关系[J]. *微生物学报*, 2024, 64(8): 2882-2900.
- Zeng Q, Liu SY, Xiang JF, Liang ZH, Zhai CC, Yao BM, Han LL, Ge AH, Zhang LM. Microbial communities in the rhizosphere of watermelon varieties resistant and susceptible to *Fusarium* wilt: differences and relationship with disease occurrence[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2024, 64(8): 2882-2900 (in Chinese).
- [23] 鲁如坤. 土壤农业化学分析方法[M]. 北京: 中国农业科学技术出版社, 2000.
- [24] Chen SF, Zhou YQ, Chen YR, Gu J. Fastp: an ultra-fast all-in-one FASTQ preprocessor[J]. *Bioinformatics*, 2018, 34(17): i884-i890.
- [25] Magoč T, Salzberg SL. FLASH: fast length adjustment of short reads to improve genome assemblies[J]. *Bioinformatics*, 2011, 27(21): 2957-2963.
- [26] Edgar RC. UPARSE: highly accurate OTU sequences from microbial amplicon reads[J]. *Nature Methods*, 2013, 10(10): 996-998.
- [27] Stackebrandt E, Goebel BM. Taxonomic note: a place for DNA-DNA reassociation and 16S rRNA sequence analysis in the present species definition in bacteriology[J]. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 1994, 44(4): 846-849.
- [28] Wang Q, Garrity GM, Tiedje JM, Cole JR. Naive Bayesian classifier for rapid assignment of rRNA sequences into the new bacterial taxonomy[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2007, 73(16): 5261-5267.
- [29] Douglas GM, Maffei VJ, Zaneveld JR, Yurgel SN, Brown JR, Taylor CM, Huttenhower C, Langille MGI. PICRUSt2 for prediction of metagenome functions[J]. *Nature Biotechnology*, 2020, 38(6): 685-688.
- [30] Han YH, Cui XW, Wang HY, Lai XB, Zhu Y, Li JB, Xie RR, Zhang Y, Zhang H, Chen ZB. Recruitment of copiotrophic and autotrophic bacteria by hyperaccumulators enhances nutrient cycling to reclaim degraded soils at abandoned rare earth elements mining sites[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2025, 488: 137351.
- [31] 陈杰, 郭天文, 谭雪莲, 朱渭兵, 魏晓丽, 王东胜, 薛泉宏. 马铃薯连作地健康株与病株根区土壤微生态特性比较[J]. *作物学报*, 2013, 39(11): 2055-2064.
- Chen J, Guo TW, Tan XL, Zhu WB, Wei XL, Wang DS, Xue QH. Comparison of microecological characterization in rhizosphere soil between healthy and diseased plants in continuous cropping potato fields[J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2013, 39(11): 2055-2064 (in Chinese).
- [32] 涂祖新, 张莉莉, 贺伟华, 占智高, 王金昌. 赣南脐橙黄龙病株与健康株的根际土壤真菌群落多样性比较[J]. *安徽农业大学学报*, 2017, 44(2): 333-341.
- Tu ZX, Zhang LL, He WH, Zhan ZG, Wang JC. Fungi diversity in the soil around the healthy and huanglongbing-diseased roots of *Citrus sinensis* Osbeck in southern Jiangxi Province[J]. *Journal of Anhui Agricultural University*, 2017, 44(2): 333-341 (in Chinese).
- [33] Fierer N, Jackson RB. The diversity and biogeography of soil bacterial communities[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2006, 103(3): 626-631.
- [34] 唐冬兰, 唐泉, 蒋立奔, 宋芹芹, 曹荣祥. 草莓枯萎病病株与健康株根际基质真菌群落组成分析[J]. *江苏农业科学*, 2021, 49(24): 110-114.
- Tang DL, Tang Q, Jiang LB, Song QQ, Cao RX. Analysis of fungal community structure in rhizosphere substrates of strawberry *Fusarium* wilt diseased and healthy strawberry plants[J]. *Jiangsu Agricultural Sciences*, 2021, 49(24): 110-114 (in Chinese).
- [35] Shen ZZ, Penton CR, Lv NN, Xue C, Yuan XF, Ruan YZ, Li R, Shen QR. 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.
- [36] Lehmann J, Bossio DA, Kögel-Knabner I, Rillig MC. The concept and future prospects of soil health[J]. *Nature Reviews Earth & Environment*, 2020, 1(10): 544-553.
- [37] Singh BK, Jiang GF, Wei Z, Sáez-Sandino T, Gao M, Liu HW, Xiong C. Plant pathogens, microbiomes, and soil health[J]. *Trends in Microbiology*, 2025, 33(8): 887-902.
- [38] Berendsen RL, Pieterse CMJ, Bakker PAHM. The rhizosphere microbiome and plant health[J]. *Trends in Plant Science*, 2012, 17(8): 478-486.
- [39] Wei Z, Yang TJ, Friman VP, Xu YC, Shen QR, Jousset A. Trophic network architecture of root-associated bacterial communities determines pathogen invasion and plant health[J]. *Nature Communications*, 2015, 6: 8413.
- [40] Liu SW, Yang WL, Yang XF, Gong RG, Xiang DD, Li CY. Integrated control of *Fusarium* wilt in banana by *Bacillus velezensis* EB1 and potassium sorbate[J]. *BMC Microbiology*, 2024, 24(1): 457.
- [41] Meena VS, Maurya BR, Verma JP. Does a rhizospheric microorganism enhance K⁺ availability in agricultural soils[J]. *Microbiological Research*, 2014, 169(5/6): 337-347.
- [42] He C, Jia ZJ, Fan PS, Ruan YZ, Liang Y, Ma JJ, Li JK. (15)N tracing reveals preference for different nitrogen forms of *Fusarium oxysporum* f. sp. cubense tropical race 4[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2023, 14: 1102720.
- [43] Wang M, Xiang L, Tang WX, Chen XS, Li CR, Yin CM, Mao ZQ. Ammonium bicarbonate alleviates apple replant disease: Inhibiting *Fusarium* and improving soil environment[J]. *Scientia Horticulturae*, 2024, 325:

- 112652.
- [44] Wu D, Ma YY, Yang T, Gao GF, Wang DZ, Guo XS, Chu HY. Phosphorus and zinc are strongly associated with belowground fungal communities in wheat field under long-term fertilization[J]. *Microbiology Spectrum*, 2022, 10(2): e00110-22.
- [45] Jansson JK, Hofmockel KS. Soil microbiomes and climate change[J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2020, 18(1): 35-46.
- [46] De Vries FT, Griffiths RI, Bailey M, Craig H, Girlanda M, Gweon HS, Hallin S, Kaisermann A, Keith AM, Kretschmar M, Lemanceau P, Lumini E, Mason KE, Oliver A, Ostle N, Prosser JI, Thion C, Thomson B, Bardgett RD. Soil bacterial networks are less stable under drought than fungal networks[J]. *Nature Communications*, 2018, 9: 3033.
- [47] Kubicek CP, Herrera-Estrella A, Seidl-Seiboth V, Martinez DA, Druzhinina IS, Thon M, Zeilinger S, Casas-Flores S, Horwitz BA, Mukherjee PK, Mukherjee M, Kredics L, Alcaraz LD, Aerts A, Antal Z, Atanasova L, Cervantes-Badillo MG, Challacombe J, Chertkov O, Mccluskey K, et al. Comparative genome sequence analysis underscores mycoparasitism as the ancestral life style of *Trichoderma*[J]. *Genome Biology*, 2011, 12(4): R40.
- [48] Zhao ZT, Liu HQ, Wang CF, Xu JR. Comparative analysis of fungal genomes reveals different plant cell wall degrading capacity in fungi[J]. *BMC Genomics*, 2013, 14(1): 274.
- [49] Tanaka K, Choi J, Cao YR, Stacey G. Extracellular ATP acts as a damage-associated molecular pattern (DAMP) signal in plants[J]. *Frontiers in Plant Science*, 2014, 5: 446.
- [50] Rizzo J, Stanchev LD, Da Silva VKA, Nimrichter L, Pomorski TG, Rodrigues ML. Role of lipid transporters in fungal physiology and pathogenicity[J]. *Computational and Structural Biotechnology Journal*, 2019, 17: 1278-1289.