网络出版时间:2025-09-10 DOI:10.13207/j.jnwafu.2026.03.008

4 种物料对连作烟草根际土壤细菌群落的影响

蒋坤莲[1],罗凯文[1],何佶弦[2],蔡艳[1],李斌[3],顾会战[2],张启莉[2]
(1 四川农业大学 资源学院,四川 成都 611130;2 四川省烟草公司广元市公司,四川 广元 628000;
3 中国烟草总公司四川省公司,四川 成都 611130)

[摘 要] 【目的】探究不同改良物料缓解烤烟连作障碍的微生态机制,为烟草生产的可持续发展提供支持。【方法】以连作 15 年烟田为研究对象,设置 CK(常规施肥,600 kg/hm^2 烟草专用复合肥+750 kg/hm^2 烟用商品有机肥)、T1(600 kg/hm^2 烟草专用复合肥+4 500 kg/hm^2 放线菌有机肥)、T2(600 kg/hm^2 烟草专用复合肥+4 500 kg/hm^2 木霉有机肥)、T3(600 kg/hm^2 烟草专用复合肥+750 kg/hm^2 烟用商品有机肥+4 500 kg/hm^2 生物炭)和 T4(600 kg/hm^2 烟草专用复合肥+750 kg/hm^2 烟用商品有机肥+900 kg/hm^2 黄腐酸钾)5 个施肥处理,每处理重复 3 次,共 15 个小区,小区面积 106.67 m^2。分别在烟草旺长期(移栽后 60 d)和成熟期(移栽后 90 d)采用五点取样法选取烟株,用抖根法收集根际土壤样品进行高通量测序,分析不同物料处理烟草旺长期和成熟期根际土壤细菌的种群特征及稳定性。【结果】烟草旺长期,T1 处理烟草根际土壤细菌 Ace 指数、Chao1 指数分别较 CK 处理显著提高 26.69%和 28.80%($P<0.05$);烟草成熟期,T1 处理烟草根际土壤细菌 Ace 指数、Chao1 指数和 Shannon 指数均显著高于其他处理,但 Simpson 指数最低。不同处理烟草根际土壤细菌种群结构相似,烟草成熟期,T1 和 T2 处理烟草根际土壤酸杆菌门(Acidobacteriota)的相对丰度较 CK 处理分别显著增加了 97.13%和 83.59%,其他物料处理与 CK 差异显著。共现网络分析结果显示,与 CK 处理相比,T1、T2 和 T3 处理具有更大更复杂的共线网络,且以 T1 处理平均路径最短,表明 T1 处理烟草根际土壤微生物共现网络信息传递速率最高、细菌种属之间联系最紧密。【结论】放线菌有机肥(T1 处理)可改善长期连作烤烟根际土壤细菌群落结构,提高细菌优势种群丰富度,优化细菌网络凝聚性,适用于烤烟连作土壤的微生态修复。

[关键词] 烟草;连作障碍;土壤修复;生物有机肥;细菌多样性
[中图分类号] S154.3;S572.44 [文献标志码] A [文章编号] 1671-9387(2026)03-0072-09

Effects of 4 materials on bacterial communities of tobacco rhizosphere soil in continuous cropping

JIANG Kunlian[1], LUO Kaiwen[1], HE Jixian[2], CAI Yan[1],
LI Bin[3], GU Huizhan[2], ZHANG Qili[2]
(1 *College of Resources, Sichuan Agricultural University, Chengdu, Sichuan* 611130, *China*;
2 *Guangyuan City Company of Sichuan Tobacco Company, Guangyuan, Sichuan* 628000, *China*;
3 *Sichuan Provincial Company of China National Tobacco Corporation, Chengdu, Sichuan* 611130, *China*)

Abstract: 【Objective】 The aim of this study was to examine the microecological mechanism of different ameliorating materials in alleviating continuous cropping obstacles of flue-cured tobacco, to provide support for the sustainable development of tobacco production. 【Method】 With 15-year continuous cro-

[收稿日期] 2024-11-08 [修回日期] 2025-03-27
[基金项目] 四川省烟草公司科技项目"四川烟区降本增效烟用肥料研制及施肥体系优化与应用"(SCYC202303);四川省烟草公司广元市公司项目"广元市土壤保育科技示范园区建设"(202051080024062)
[作者简介] 蒋坤莲(2001—),女,四川宜宾人,在读硕士,主要从事植物营养与高效施肥研究。E-mail:2035701803@qq.com
[通信作者] 蔡艳(1976—),女,四川达州人,副教授,博士,硕士生导师,主要从事土壤改良与经济作物高效施肥研究。E-mail:caiyya@126.com
何佶弦(1998—),男,四川广元人,助理农艺师,硕士,主要从事烟草栽培研究。E-mail:181060703@qq.com

pping tobacco field as the research object, five treatments were set: CK (conventional fertilization, 600 kg/hm^2 tobacco compound fertilizer+750 kg/hm^2 tobacco commercial organic fertilizer), T1 (600 kg/hm^2 tobacco compound fertilizer+4 500 kg/hm^2 Actinomycete organic fertilizer), T2 (600 kg/hm^2 tobacco compound fertilizer+4 500 kg/hm^2 Trichoderma organic fertilizer), T3 (600 kg/hm^2 tobacco compound fertilizer+750 kg/hm^2 tobacco commercial organic fertilizer+4 500 kg/hm^2 biochar) and T4 (600 kg/hm^2 tobacco compound fertilizer+750 kg/hm^2 tobacco commercial organic fertilizer+900 kg/hm^2 potassium fulvic acid). Each treatment was repeated 3 times, with a total of 15 treatment areas and an area of 106.67 m^2. Tobacco plants were selected by five-point sampling method during the vigorous growth stage (60 days after transplanting) and maturity stage (90 days after transplanting), and the rhizosphere soil samples were collected by root shaking method. High-throughput sequencing was used to analyze the characteristics and stability of the rhizosphere soil bacterial population of flue-cured tobacco treated with different materials at the vigorous growth stage and maturity stage.【Result】During the vigorous growth stage of tobacco, compared to CK treatment, the Ace index and Chao1 index of tobacco rhizosphere soil bacteria in T1 treatment were significantly increased by 26.69% and 28.80%, respectively ($P<0.05$). During the tobacco maturity stage, the Ace index, Chao1 index, and Shannon index of tobacco rhizosphere soil bacteria in T1 treatment were significantly higher than those in other treatments, but the Simpson index was the lowest. The bacterial population structure in tobacco rhizosphere soil under different treatments was generally similar. During tobacco maturity, compared to the CK treatment, the relative abundance of Acidobacteriota in tobacco rhizosphere soil under T1 and T2 treatments increased significantly by 97.13% and 83.59%, respectively, and other treatments also showed significant difference compared with CK. The results of co-occurrence network analysis showed that compared with CK treatment, T1, T2 and T3 treatments had larger and more complex collinear networks, with T1 treatment showing the shortest average path, indicating that T1 treatment had the highest information transmission rate and the closest connections between bacterial species in the tobacco rhizosphere soil co-occurrence network.【Conclusion】Actinomycete organic fertilizer (T1) can improve the bacterial community structure in the rhizosphere soil of long-term continuously cropped flue-cured tobacco, increase the richness of the dominant bacterial population, and optimize the cohesion of the bacterial network, which is suitable for microecological soil restoration with continuous cro-pping of flue-cured tobacco.

Key words: tobacco; continuous cropping disorders; soil remediation; bio-organic fertilizer; bacterial diversity

作为我国重要的经济作物，烟草产出的稳定性和品质直接关系烟草产业链的良性发展。然而受限于耕地面积及与粮食争夺土地资源的挑战，烟草的连续种植变得日益常见[1]。这种种植方式往往会改变土壤微生物的组成，恶化微环境，导致土壤养分失衡，并激活作物的化感自毒作用，从而引发连作障碍[2]。作物连作障碍的主要成因可归结为 3 个方面，即土壤理化性质的恶化、作物化感物质的积累以及土壤微生物群落结构的改变，这些因素均可视为土壤微生态环境失衡的表现[3]。因此，调整和恢复土壤微生态环境平衡是缓解作物连作障碍的关键方法。

已有研究表明，生物有机肥、生物炭和黄腐酸钾均能通过拮抗病原菌或缓冲土壤酸碱度直接或间接改良土壤微生态环境[4-5]。生物有机肥将有益功能微生物与有机肥结合在一起，是一种同时具有抑制土壤病原体、促进植物生长和改变根际微生物群落组成的生物策略[6]。生物炭具有的高比表面积和多孔结构，能为微生物提供屏障和庇护场所，同时生物炭含有丰富的营养物质，有利于增强土壤微生物活性[7]。研究发现，腐植酸可通过增加有益菌丰度和降低致病菌丰度来改良土壤微生态环境，能有效改善土壤连作障碍[8]。但目前相关研究多限于单一物料对土壤的改良效果及作用机理研究。因此，本研究拟对生物有机肥、生物炭、黄腐酸钾施用下，连作烟草根际土壤细菌种群结构特征的差异进行探究，

明晰 4 种物料对长期连作烟田土壤微生态的影响，以期为缓解烟草连作障碍提供科学支持。

1 材料与方法

1.1 供试材料

供试土壤为石灰性紫色土，其 pH 8.12，有机质含量 15.36 g/kg，碱解氮含量 48.67 mg/kg，有效磷含量 27.39 mg/kg，速效钾含量 342.76 mg/kg。

供试烤烟为云烟 87，由广元市烟草公司提供。

供试改良物料有 4 种，分别为放线菌有机肥、木霉有机肥、生物炭和黄腐酸钾。其中放线菌有机肥和木霉有机肥均由四川农业大学植物营养与肥料研究中心课题组研制，放线菌有机肥的功能菌为放线菌，有效活菌数为 4×10^7 CFU/g；木霉有机肥的功能菌为木霉菌，有效活菌数为 2×10^7 CFU/g。生物炭由四川美日佳生物质能源公司提供；黄腐酸钾由四川绿微科技公司提供。4 种物料的基本性质详见表 1。

供试烟草专用复合肥 N∶P_2O_5∶K_2O(质量比)为 10∶15∶25，烟用商品有机肥 N∶P_2O_5∶K_2O(质量比)为 2.5∶2∶1.5 和烟草追肥 N∶P_2O_5∶K_2O(质量比)为 2.5∶2∶1.5，均由广元市烟草公司提供。

表 1 试验所用 4 种物料的基本性质

Table 1 Basic properties of the 4 materials used in the test

物料 Materials	黄腐酸含量/% Fulvic acid content	pH	有机碳含量/(g·kg^{-1}) Organic carbon content	全氮含量/(g·kg^{-1}) Total nitrogen content	全磷含量/(g·kg^{-1}) Total phosphorus content	全钾含量/(g·kg^{-1}) Total potassium content
放线菌有机肥 *Actinomycete* organic fertilizer	0	8.50	385.12	20.04	24.50	42.20
木霉有机肥 *Trichoderma* organic fertilizer	0	8.50	385.12	20.04	24.50	42.20
生物炭 Biochar	0	11.04	207.35	8.80	1.62	73.59
黄腐酸钾 Potassium fulvic acid	41.40	5.90	58.00	40.05	5.90	138.50

1.2 试验设计

试验于 2021 年在四川省广元市昭化区磨滩镇进行，试验地块为连作 15 年烟田，面积 2 000 m^2。试验采用田间随机区组设计，设 CK(常规施肥，600 kg/hm^2 烟草专用复合肥＋750 kg/hm^2 烟用商品有机肥)、T1(600 kg/hm^2 烟草专用复合肥＋4 500 kg/hm^2 放线菌有机肥)、T2(600 kg/hm^2 烟草专用复合肥＋4 500 kg/hm^2 木霉有机肥)、T3(600 kg/hm^2 烟草专用复合肥＋750 kg/hm^2 烟用商品有机肥＋4 500 kg/hm^2 生物炭)和 T4(600 kg/hm^2 烟草专用复合肥＋750 kg/hm^2 烟用商品有机肥＋900 kg/hm^2 黄腐酸钾)共 5 个处理，每个处理重复 3 次，共 15 个小区，小区面积 106.67 m^2。烟株种植密度 16 500 株/hm^2，行距 120 cm，株距 50 cm，起垄高度 25 cm。烟草专用复合肥及各改良物料的用量均依据当地烤烟生产施肥情况及文献[9-11]确定。烟草专用复合肥、烟用商品有机肥及改良物料均作为基肥一次性条施，施肥后起垄。其他栽培措施完全一致。

1.3 样品采集与测定

1.3.1 土壤样品采集 分别于烤烟移栽后 60 d(旺长期)和 90 d(成熟期)，在每个小区采用五点取样法选取 5 株代表性烟株，用抖根法收集烟草根际土壤，剔除杂质、细根等，混匀后放入－80 ℃冰箱保存备用。

1.3.2 土壤细菌高通量测序 使用 E.Z.N.A.® soil DNA kit 试剂盒提取根际土壤 DNA，使用 NanoDrop2000 测定 DNA 浓度和纯度，检验合格后，用引物 338F(5′-ACTCCTACGGGAGGCAGCAG-3′)和 806R (5′-GGACTACHVGGGTWT-CTAAT-3′)PCR 扩增细菌 16S rDNA 基因的 V3－V4 区。PCR 反应体系：5 μmol/L 上下游引物各 0.8 μL，模板 DNA 10 ng。PCR 扩增程序：95 ℃预变性 3 min；95 ℃变性 30 s，55 ℃退火 30 s，72 ℃延伸 45 s，循环 27 次；72 ℃延伸 10 min。使用 1%琼脂糖凝胶回收 PCR 产物，利用 AxyPrep DNA Gel Extraction Kit 对回收产物进行纯化，并用 Quantus™ Fluorometer (Promeg，USA)对回收产物进行定量检测，然后构建文库并进行质检，最后由上海美吉生物科技有限公司在 Illumina MiSeq (PE300)平台上进行双端测序。

1.4 数据处理与分析

所有试验数据均采用 Excel 2019 整理，采用 IBM SPSS Statistics 20 软件进行统计分析，并采用

单因素方差分析(one-way ANOVA)进行差异显著性检验，差异显著的指标采用邓肯(Duncan's)法进行多重比较分析，采用 R 4.2.1 和 Gephi 0.9.7 软件绘图。

2　结果与分析

2.1　不同物料对烟草根际土壤细菌 Alpha 多样性的影响

Alpha 多样性指特定环境或生态系统内的多样性，主要反映物种丰富度和均匀度及测序深度。本研究选取 Alpha 多样性分析中的 Ace 指数、Chao1 指数、Shannon 指数和 Simpson 指数来反映不同物料处理烟草根际土壤细菌群落的丰富度和均匀性。结果(表 2)表明，所有样本的测序覆盖度均高于 96%，说明本次测序有足够深度，能够满足进一步分析需求。在烟草旺长期和成熟期，T1 处理烟草根际土壤细菌的 Ace 指数和 Chao1 指数均显著高于 CK 和其他物料处理。4 种物料对连作烟草根际土壤细菌的 Shannon 指数和 Simpson 指数的影响不同。在烟草旺长期，T1 和 T3 处理烟草根际土壤细菌的 Shannon 指数显著高于 CK，Simpson 指数却显著低于 CK；T2 和 T4 处理烟草根际土壤细菌的 Shannon 指数和 Simpson 指数均较 CK 无显著差异。到烟草成熟期，T1 和 T2 处理烟草根际土壤细菌的 Shannon 指数显著高于 CK，但 Simpson 指数显著低于 CK。说明不同处理间烟草根际土壤细菌 Alpha 多样性差异显著，施用改良物料对烟草根际土壤细菌多样性和丰富度有显著影响。

表 2　不同物料处理对细菌 Alpha 多样性指数的影响

Table 2　Effects of different material treatments on bacterial alpha diversity index

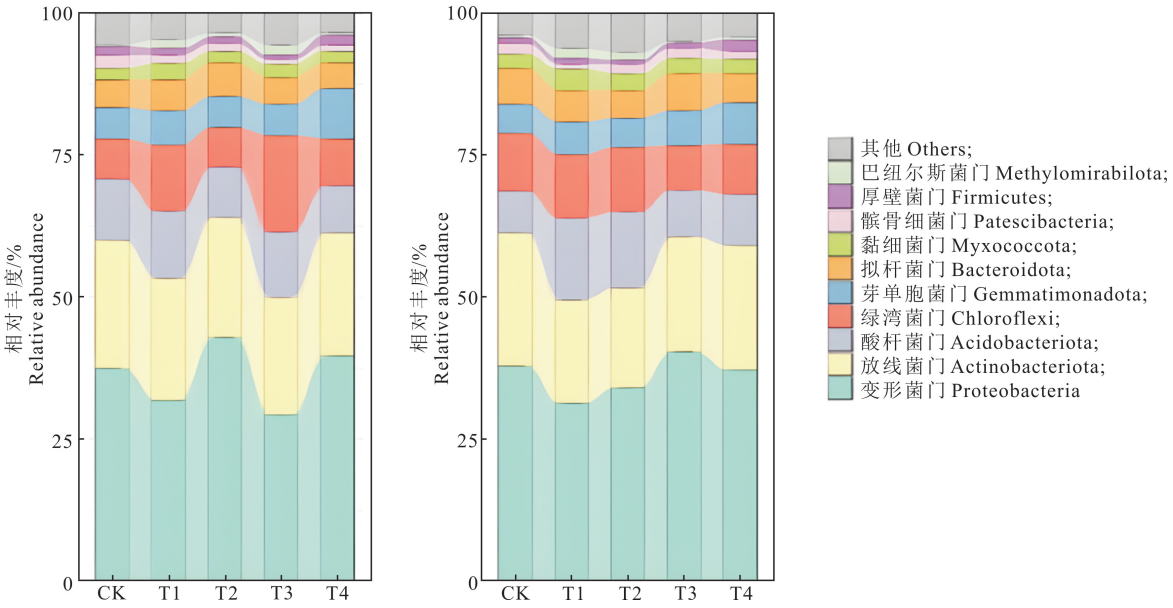
时期 Period	处理 Treatment	Ace 指数 Ace index	Chao1 指数 Chao1 index	Shannon 指数 Shannon index	Simpson 指数 Simpson index	覆盖度/% Coverage
旺长期 Vigorous growth stage	CK	3 527.84±332.61 b	3 550.22±247.79 b	6.32±0.11 b	0.006 9±0.001 1 a	97.58
	T1	4 237.81±491.39 a	4 237.81±474.55 a	6.74±0.16 a	0.003 6±0.000 5 b	96.53
	T2	3 896.40±272.41 b	3 885.78±292.55 b	6.40±0.18 b	0.006 8±0.001 4 a	97.30
	T3	4 131.90±176.84 b	4 128.56±228.38 b	6.74±0.07 a	0.003 5±0.000 4 b	96.78
	T4	3 345.06±716.46 b	3 360.08±628.77 b	6.23±0.34 b	0.006 6±0.001 6 a	98.01
成熟期 Maturity stage	CK	3 672.63±118.09 b	3 756.76±144.41 b	6.36±0.07 b	0.005 8±0.000 9 a	97.18
	T1	4 142.50±238.83 a	4 127.79±241.76 a	6.78±0.08 a	0.003 0±0.000 4 c	96.85
	T2	3 741.60±95.77 b	3 732.36±108.98 b	6.67±0.06 a	0.003 6±0.000 5 c	97.41
	T3	3 485.14±186.95 b	3 501.44±187.73 b	6.35±0.16 b	0.005 8±0.001 2 a	97.36
	T4	3 433.55±221.21 b	3 439.16±260.53 b	6.42±0.13 b	0.004 5±0.000 7 b	97.39

注：同列数据后标不同小写字母表示同一时期不同处理间差异显著($P<0.05$)。

Note: Different lowercase letters after data in the same column indicate significant differences between different treatments during the same period ($P<0.05$).

2.2　不同物料对烟草根际土壤细菌群落组成与结构的影响

在门水平上，各处理样本中土壤细菌群落结构相对丰度排名前 10 位的细菌种群如图 1 所示。由图 1 可知，各处理细菌种群结构相似，但相对丰度具有明显差异，变形菌门(Proteobacteria)是各处理的第一优势菌群，其相对丰度为 29.28%～42.92%；与 CK 相比，在烟草旺长期，T2 和 T4 处理烟草根际土壤变形菌门相对丰度增加，而 T1 和 T3 处理的相对丰度有所降低；到烟草成熟期，各处理烟草根际土壤变形菌门的相对丰度无明显差异。放线菌门(Actinobacteriota)、酸杆菌门(Acidobacteriota)和绿湾菌门(Chloroflexi)是主要优势菌群，其中酸杆菌门的相对丰度为 7.31%～14.40%，烟草旺长期各处理酸杆菌门的相对丰度差异不明显，烟草成熟期 T1 和 T2 处理烟草根际土壤酸杆菌门的相对丰度较 CK 分别提高了 97.13%和 83.59%；绿湾菌门的相对丰度为 6.97%～16.98%，烟草旺长期 T1、T3 和 T4 处理的相对丰度均高于 CK，烟草成熟期各处理绿湾菌门的相对丰度差异不明显。芽单胞菌门(Gemmatimonadota)、拟杆菌门(Bacteroidota)、黏细菌门(Myxococcota)等属于相对丰度较高的菌群，在烟草旺长期和成熟期，T4 处理烟草根际土壤芽单胞菌门的相对丰度分别较 CK 增加 60.65%和 43.70%，其他处理间差异不明显。



左图为烟草旺长期,右图为烟草成熟期。

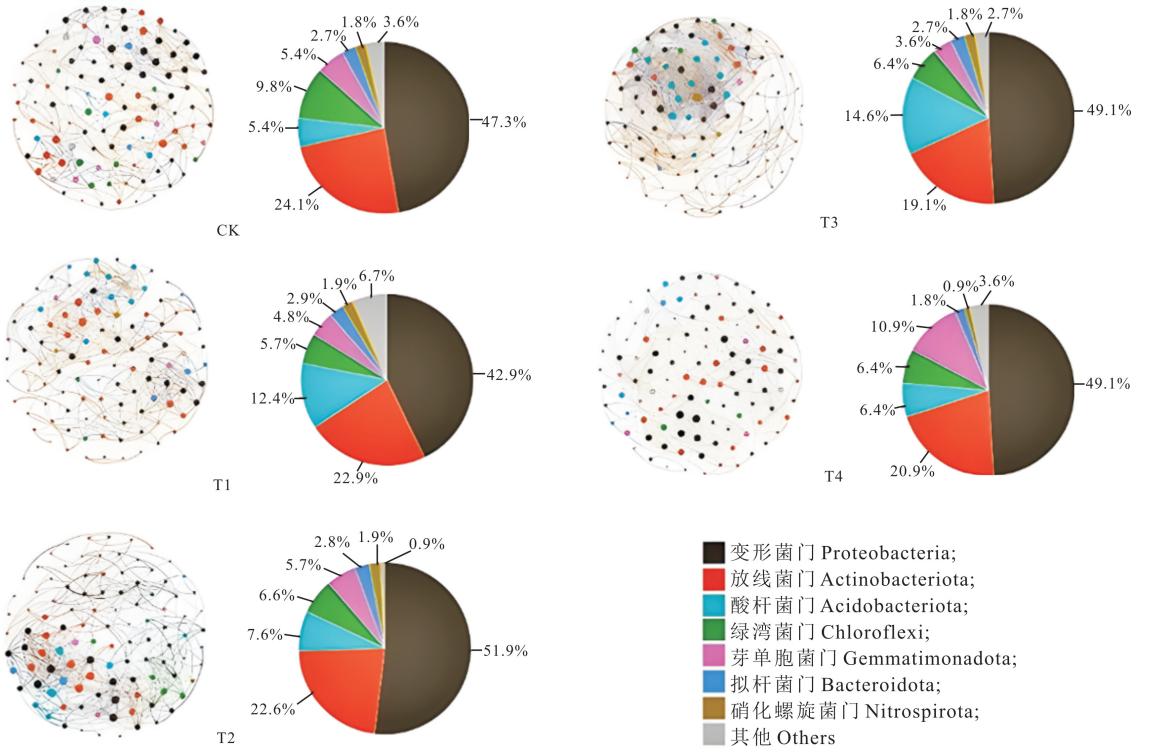
The left image shows the vigorous growth period of tobacco, and the right image shows the maturity period of tobacco.

图 1 不同物料处理对烟草根际土壤细菌门水平组成的影响

Fig. 1 Effects of different material treatments on the horizontal composition of bacterial phylum in tobacco rhizosphere soil

2.3 不同物料处理烟草根际土壤细菌群落的共现网络特征

利用土壤细菌 OTU 数据,构建 T1、T2、T3、T4 和 CK 处理烟草根际土壤细菌群落的共现网络,并利用网络分析中常用的拓扑性质来描述 OTU 之间复杂的相互关系模式,结果见图 2 和表 3。



每个节点表示一个在 97%相似水平聚类的 OUT,节点大小与相关系数(r)成正比。连接表示相关性显著($P<0.05$)且 $r>0.6$,红色代表正相关,蓝色代表负相关。

Each node represents an OUT clustered at 97% similarity level, with node size proportional to correlation coefficient(r). Connections indicate significant correlation ($P<0.05$) and $r>0.6$, with red representing positive correlation and blue representing negative correlation.

图 2 不同物料处理烟草根际土壤细菌群落的共现网络

Fig. 2 Co-occurrence network of bacterial communities in tobacco rhizosphere soil treated with different materials

表 3　不同物料处理烟草根际土壤细菌共现网络的拓扑性质

Table 3　Topological properties of bacterial co-occurrence network in tobacco rhizosphere soil treated with different materials

处理 Treatment	节点数 Number of nodes	边数 Number of sides	平均度 Average degree	平均加权度 Average weighted degree	图密度 Density	模块化 Modularity	平均聚类系数 Clustering coefficient	平均路径长度 Average path length	正相关占比/% Positive correlation
CK	110	434	7.89	6.96	0.07	0.60	0.49	3.36	59.22
T1	105	486	9.26	8.20	0.09	0.58	0.57	3.09	56.38
T2	106	583	11.00	9.71	0.11	0.47	0.52	3.24	53.32
T3	110	870	15.82	14.04	0.15	0.39	0.55	3.14	53.45
T4	110	417	7.58	6.67	0.07	0.56	0.50	3.35	55.64

由图 2 可知，在共现网络中，各处理占比较大的菌群均是变形菌门和放线菌门。T1、T2、T3 处理烟草根际土壤细菌的优势菌门为酸杆菌门，T4 处理烟草根际土壤细菌的优势菌门为芽单胞菌门，CK 处理烟草根际土壤细菌的优势菌门为绿湾菌门。

由表 3 可知，各处理的节点数差异不大，但边数、平均度和图密度均表现为 T3＞T2＞T1＞CK＞T4，表明 T3、T2、T1 处理均较 CK 具有更大更复杂的共现网络，且土壤细菌种属之间关联更紧密。各处理的平均路径长度为 T1＜T3＜T2＜T4＜CK，表明 4 种物料均加快了土壤细菌之间的信息传递速率，细菌网络凝聚性更高。各处理细菌间的作用均以正相关为主（正相关占比为 53.32%～59.22%），说明各处理烟草根际土壤细菌均以合作关系为主；各处理正相关占比依次为 CK＞T1＞T4＞T3＞T2，表明施用物料加剧了烟草根际土壤细菌间的竞争程度。

本研究对不同物料处理烟草根际土壤的点中心性和接近中心性进行筛选排序，得到各自排名前 10 的节点，再寻找二者的交集，确定各处理烟草根际土壤细菌的关键属。结果（表 4）表明，CK 处理烟草根际土壤细菌的关键属为假诺卡氏菌属（*Pseudonocardia*）、德沃斯氏菌属（*Devosia*）和根瘤菌属（*Rhizobium*）等有害菌。T1 处理烟草根际土壤细菌的关键属为马杜拉放线菌属（*Actinomadura*）、马莫里科拉属（*Marmoricola*）和罗河杆菌属（*Rhodanobacter*）；T2 处理烟草根际土壤细菌的关键属为维西纳米细菌属（*Vicinamibacteraceae*）、沙壤土杆菌属（*Ramlibacter*）和微纤藻属（*Microscillaceae*）；T3 处理烟草根际土壤细菌的关键属为硝化螺旋菌属（*Nitrospira*）、拟杆菌属（*Pyrinomonadaceae RB41*）和贪噬菌属（*Variovorax*）；T4 处理烟草根际土壤细菌的关键属为假单胞菌属（*Pseudomonas*）、鞘氨醇单胞菌（*Sphingomonadaceae*）和污泥单胞菌属（*Caenimonas*）。其中包括能将铵态氮转化为硝态氮的硝化螺旋菌属（*Nitrospira*），对氮代谢具有重要作用的罗河杆菌属（*Rhodanobacter*），以及具有解磷作用的鞘氨醇单胞菌属（*Sphingomonadaceae*）等有益菌属。由此可见，施用物料后，烟草根际土壤中的关键细菌物种由“致病型”转变为“健康型”，有利于改善土壤微生态环境。

表 4　不同物料处理烟草根际土壤细菌的关键属

Table 4　Key genera of tobacco rhizosphere soil bacteria treated with different materials

处理 Treatment	关键细菌属 Keystone taxa	点中心性 Degree centrality	接近中心性 Closeness centrality
CK	德沃斯氏菌属 *Devosia*	14	0.003 32
	假诺卡氏菌属 *Pseudonocardia*	14	0.003 39
	根瘤菌属 *Rhizobium*	13	0.003 14
T1	马杜拉放线菌属 *Actinomadura*	23	0.004 03
	马莫里科拉属 *Marmoricola*	20	0.003 92
	罗河杆菌属 *Rhodanobacter*	16	0.003 95
T2	维西纳米细菌属 *Vicinamibacteraceae*	26	0.003 85
	沙壤土杆菌属 *Ramlibacter*	26	0.004 03
	微纤藻属 *Microscillaceae*	26	0.003 85
T3	硝化螺旋菌属 *Nitrospira*	42	0.004 02
	拟杆菌属 *Pyrinomonadaceae RB41*	38	0.003 89
	贪噬菌属 *Variovorax*	38	0.003 89
T4	假单胞菌属 *Pseudomonas*	16	0.003 28
	鞘氨醇单胞菌属 *Sphingomonadaceae*	16	0.003 28
	污泥单胞菌属 *Caenimonas*	12	0.003 28

3 讨 论

Alpha 多样性是表征土壤细菌功能和生态系统稳定性的重要指标,通常认为土壤细菌多样性越高,土壤生态系统越健康和稳定[12]。本研究结果显示,与常规施肥(CK)相比,T1 处理烟草旺长期根际土壤 Ace 指数和 Chao1 指数显著提高,烟草成熟期优势菌群酸杆菌门的相对丰度大幅增加,较 CK 处理提高了 97.13%,这可能与放线菌产生的代谢物具备抗病原真菌的功效有关[13]。已有研究表明,放线菌可合成抗生素和几丁质酶等生物活性物质,从而抑制病原菌的生长,有利于优化微生物区系结构[14-15]。T2 处理下,烟草成熟期根际土壤细菌的 Shannon 指数显著高于 CK,优势菌群酸杆菌门的相对丰度较 CK 增加了 83.59%,对烤烟根际微生物群落产生积极影响。这可能是因为木霉菌能够分泌抗生素及抗菌肽类物质,有效抑制连作过程中病原菌的繁殖所致[16-17]。同时,木霉菌还能激活根系活力,增强植物自身的抗性机制,从而调整根际微生物区系构成[18]。生物炭能够吸附土壤中的有害物质,有利于增加土壤有益菌的生物量、生长速率和产孢量[19]。施用生物炭(T3)后,烟草旺长期根际土壤 Ace 指数较 CK 明显提高,这可能是由于生物炭的特殊结构和所含的丰富营养物质为土壤细菌提供了良好地繁殖条件,进而在一定程度上促进细菌的生长繁殖及其群落相对丰度的提升[20]。作为一种腐殖酸类有机肥料,黄腐酸钾在改良土壤微生态方面具有广泛应用前景。本研究结果表明,施用黄腐酸钾(T4)后,旺长期和成熟期烟草根际土壤中芽单胞菌门的相对丰度上升,分别较 CK 增加 60.65%和 43.70%。这可能是因为黄腐酸钾是从秸秆和食物残渣中提取而来[21],富含蛋白质、醇类、脂肪酸等多种碳源,这些成分能够促进土壤微生物的增殖与生长,进而加速养分转化与有机物分解,推动根际微生态环境向更健康的方向演化[22-23]。总的来说,4 种物料通过输入丰富的养分或拮抗病原菌,均能不同程度地提高烟草根际土壤细菌群落的多样性,其中以施用放线菌有机肥(T1)效果最佳。

共现网络常用于描述微生物在外界干扰下表现出的相互共存与排斥关系,并识别与土壤功能及作物生长发育高度相关的关键微生物类群[24]。土壤细菌群落固有的生存策略是对有效养分、能量等资源的获取和合理利用[25]。本研究结果发现,变形菌门、放线菌门、酸杆菌门、绿湾菌门及芽单胞菌门是共现网络中的主要菌门,这与前人的研究结果[26]基本一致。其中变形菌门和放线菌门占比较高,这是因为变形菌门和放线菌门细菌可降解氨基酸和碳水化合物等有机物质,物料输入丰富的养分和有机质能促进参与土壤碳氮循环的富营养型细菌(变形菌和放线菌)生长[27-28]。但在不同处理条件下,这些优势菌门的占比存在显著差异,其中 T1、T2、T3 处理优势菌门为酸杆菌门,T4 处理优势菌门为芽单胞菌门,CK 处理优势菌门为绿湾菌门。与 CK 相比,4 种物料处理均减少了绿湾菌门的占比,因为绿湾菌门属于贫营养型细菌[29]。

细菌共现网络结果显示,CK 处理下烟草根际土壤中相互关联的细菌类群减少,细菌间的关联强度减弱,说明 CK 处理下细菌群落结构和功能正在向不利方向发展[30]。而共现网络拓扑性质表明,4 种物料处理下烟草根际土壤细菌群落的模块化程度均低于 CK,这意味着在长期连作条件下,该地块的细菌群落具有一定结构稳定性和功能稳定性[31]。4 种物料处理通过提高平均聚类系数和降低平均路径长度,对改善连作模式下的细菌群落结构起到了积极作用。放线菌有机肥(T1)和木霉有机肥(T2)2 种生物有机肥处理以及生物炭处理(T3)的边数、平均度和图密度均高于 CK,表明施用生物有机肥和生物炭均有利于烟草根际土壤细菌形成更大更复杂的网络。4 种物料处理的平均路径长度均低于 CK,且以 T1 处理平均路径长度最短,说明 T1 处理下细菌在共现网络中的信息传递速率最快,细菌的网络凝聚性最高[32]。

4 结 论

4 种改良物料均能改善连作烤烟根际土壤中的细菌组成和生态功能,但不同物料在提高细菌种群丰富度与多样性、改良细菌群落结构方面的效果有显著差异。其中放线菌有机肥(T1)通过显著提高烟草根际土壤细菌 Alpha 多样性指数、增加土壤中优势细菌种群数量、优化细菌群落结构并加强其网络凝聚性,增强了土壤生态功能,在恢复连作烟田土壤微生态方面表现突出,可用于研究区及相似条件下烤烟连作土壤生态修复。

[参考文献]

[1] 苏浩,张锐澎,吴思炫,等. 连作障碍产生机理及防控现状[J]. 土壤,2024,56(2):242-254.
SU H,ZHANG R P,WU S X,et al. Mechanisms of continuous

cropping obstacles and current situation of prevention and control[J]. Soils，2024，56(2)：242-254.

[2] MA L，MA S Y，CHEN G P，et al. Mechanisms and mitigation strategies for the occurrence of continuous cropping obstacles of legumes in China[J]. Agronomy，2023，14(1)：104.

[3] 游川，杨天杰，周新刚，等. 连作根系分泌物加剧土传病害的机制和缓解措施研究进展[J]. 土壤学报，2024，61(5)：1201-1211.
YOU C，YANG T J，ZHOU X G，et al. Research advances on mechanisms and preventions of soil-borne diseases exacerbated by root exudates in continuous cropping systems[J]. Acta Pedological Sinica，2024，61(5)：1201-1211.

[4] YU X Q，ZHANG Y Z，SHEN M C，et al. Soil conditioner affects tobacco rhizosphere soil microecology[J]. Microbial Ecology，2023，86(1)：460-473.

[5] 张瑞福，陈玉，孙新丽，等. 中国生物肥料与有机肥料研究三十年：回顾与展望[J]. 植物营养与肥料学报，2024，30(7)：1262-1273.
ZHANG R F，CHEN Y，SUN X L，et al. Biofertilizer and organic fertilizer research over thirty years in China：retrospect and prospect[J]. Journal of Plant Nutrition and Fertilizers，2024，30(7)：1262-1273.

[6] CHEN D，WANG M，WANG G，et al. Functional organic fertilizers can alleviate tobacco (*Nicotiana tabacum* L.) continuous cropping obstacle via ameliorating soil physicochemical properties and bacterial community structure[J]. Frontiers in Bioengineering and Biotechnology，2022，10：1023693.

[7] ZHAO X Y，ELCIN E，HE L Z，et al. Using biochar for the treatment of continuous cropping obstacle of herbal remedies：a review[J]. Applied Soil Ecology，2024，193：105127.

[8] 施河丽，向必坤，左梅，等. 黄腐酸与微生物菌剂协同对烟草青枯病及根际土壤细菌群落的影响[J]. 烟草科技，2021，54(9)：1-10.
SHI H L，XIANG B K，ZUO M，et al. Synergistic effects of fulvic acid and microbial agents on tobacco bacterial wilt and bacterial community in rhizosphere soil[J]. Tobacco Science & Technology，2021，54(9)：1-10.

[9] 陈懿，林英超，黄化刚，等. 炭基肥对植烟黄壤性状和烤烟养分积累、产量及品质的影响[J]. 土壤学报，2019，56(2)：495-504.
CHEN Y，LIN Y C，HUANG H G，et al. Effect of biochar-based fertilizer on properties of tobacco-planting yellow soil，and nutrient accumulation，yield and quality of flue-cured tobacco[J]. Acta Pedological Sinica，2019，56(2)：495-504.

[10] 王蓓，李伟明，黄忠阳，等. 化肥减施条件下木霉生物有机肥对茄子生长和品质的影响[J]. 土壤，2024，56(3)：666-671.
WANG B，LI W M，HUANG Z Y，et al. Effects of *Trichoderma* bioorganic fertilizer on growth and quality of eggplant under fertilizer reduction[J]. Soils，2024，56(3)：666-671.

[11] JIAO Y L，CHEN Q，GUO X M，et al. Effect of potassium fulvate on continuous tobacco cropping soils and crop growth [J]. Frontiers in Plant Science，2024，15：1457793.

[12] 孙豪杰，王静，程昱润，等. 施肥对贺兰山东麓酿酒葡萄园土壤细菌多样性的影响[J]. 中国土壤与肥料，2024(6)：45-55.
SUN H J，WANG J，CHENG Y R，et al. Effects of microbial fertilizer application on the diversity of soil bacterial microbial community of wine vineyards in the eastern foot of Helan mountain[J]. Soil and Fertilizer Sciences in China，2024(6)：45-55.

[13] 王炫栋，宋振，兰赫婷，等. 杨梅园土壤优势放线菌的分离及其防病促生功能[J]. 中国农业科学，2023，56(2)：275-286.
WANG X D，SONG Z，LAN H T，et al. Isolation of dominant actinomycetes from soil of waxberry orchards and its disease prevention and growth-promotion function[J]. Scientia Agricultura Sinica，2023，56(2)：275-286.

[14] 刘海涛，王娇，刘大群，等. 玫瑰黄链霉菌活性代谢产物诱导烟草灰霉病抗性机制研究[J]. 南方农业学报，2022，53(6)：1560-1567.
LIU H T，WANG J，LIU D Q，et al. Mechanism of resistance to tobacco gray mold induced by the active metabolite of *Streptomyces roseoflavus* [J]. Journal of Southern Agriculture，2022，53(6)：1560-1567.

[15] 陈杰，乔美霞，郭一晓，等. 外源放线菌对谷子生长和成熟期根际可培养微生物的影响[J]. 土壤，2022，54(5)：978-985.
CHEN J，QIAO M X，GUO Y X，et al. Effects of exogenous *Actinobacteria* on growth of foxtail millet (*Setaria italica*) and culturable microorganisms in rhizosphere soil at mature stage[J]. Soils，2022，54(5)：978-985.

[16] BAAZEEM A，ALMANEA A，MANIKANDAN P，et al. *In vitro* antibacterial，antifungal，nematocidal and growth promoting activities of *Trichoderma hamatum* FB10 and its secondary metabolites[J]. Journal of Fungi，2021，7(5)：331.

[17] 周千，沈月，王靖逸，等. 木霉菌在植物病虫害生物防治中的应用研究进展[J]. 现代农业科技，2024(15)：70-74.
ZHOU Q，SHEN Y，WANG J Y，et al. Research progress on application of *Trichoderma* in biological control of plant diseases and pests[J]. Modern Agricultural Science and Technology，2024(15)：70-74.

[18] 王文奕，李岩，韩洲庆，等. 木霉菌对植物的促生及诱导抗非生物胁迫作用研究进展[J]. 现代农业科技，2024(14)：76-79，91.
WANG W Y，LI Y，HAN Z Q，et al. Research progress on promoting growth on plants and inducing resistance to abiotic stress by *Trichoderma*[J]. Modern Agricultural Science and Technology，2024(14)：76-79，91.

[19] 李富，王雪力，张武，等. 生物炭添加对三江平原白浆土玉米农田细菌群落的影响[J]. 土壤通报，2024，55(3)：758-768.
LI F，WANG X L，ZHANG W，et al. Effects of biochar application on the bacterial community of albic soil in a maize field in Sanjiang Plain[J]. Chinese Journal of Soil Science，2024，55(3)：758-768.

[20] 王建林，王珍珍，琚晨仪，等. 生物炭对烟草根际微生物群落结构及青枯病发生的影响[J]. 中国烟草科学，2024，45(2)：46-55.
WANG J L，WANG Z Z，JU C Y，et al. Effects of biochar ap-

plication on rhizosphere microbial community and occurrence of tobacco bacterial wilt[J]. Chinese Tobacco Science,2024,45(2):46-55.

[21] CAI D Q,KONG X H,ZHANG X J,et al. Alkali-activated potassium persulfate treatment of sugarcane filter cake for the rapid production of fulvic-like-acid fertilizer[J]. ACS Sustainable Chemistry & Engineering,2023,11(37):13678-13687.

[22] 罗国才,杨敏,孙开利,等.施用矿源黄腐酸钾对西红柿产量、品质及土壤酶活性的影响[J].耕作与栽培,2023,43(6):95-97.
LUO G C,YANG M,SUN K L,et al. Effects of mineral source potassium fulvic acid application on yield,quality and soil enzyme activity of tomato[J]. Tillage and Cultivation,2023,43(6):95-97.

[23] JIN Q,ZHANG Y Y,WANG Q X,et al. Effects of potassium fulvic acid and potassium humate on microbial biodiversity in bulk soil and rhizosphere soil of *Panax ginseng*[J]. Microbiological Research,2022,254:126914.

[24] 栗海鹏,杜武焰,吴涵茜,等.不同有机肥对煤矿复垦区土壤养分及细菌群落结构的影响[J].中国农业科学,2024,57(16):3207-3219.
LI H P,DU W Y,WU H Q,et al. Different manures affect soil nutrients and bacterial community structure in mining reclamation area[J]. Scientia Agricultura Sinica,2024,57(16):3207-3219.

[25] TANG S,PAN W K,TANG R,et al. Effects of balanced and unbalanced fertilization on tea quality,yield,and soil bacterial community[J]. Applied Soil Ecology,2022,175:104442.

[26] 曾维爱,杨昭玥,黄洋,等.长期连作农田土壤细菌群落结构和共现网络拓扑性质对土壤理化性质的响应[J].微生物学报,2022,62(6):2403-2416.
ZENG W A,YANG Z Y,HUANG Y,et al. Response of soil bacterial community structure and co-occurrence network topology properties to soil physicochemical properties in long-term continuous cropping farmland[J]. Acta Microbiological Sinica,2022,62(6):2403-2416.

[27] 覃潇敏,蒋娟娟,韦巧云,等.轮作与施用生物有机肥对菠萝连作土壤微生物特性的影响[J].中国土壤与肥料,2023(12):50-57.
QIN X M,JIANG J J,WEI Q Y,et al. Effects of rotation and apply bio-organic fertilizer on soil microbial characteristics of pineapple under continuous cropping[J]. Soil and Fertilizer Sciences in China,2023(12):50-57.

[28] 占奥丽,黄敏,尹龙,等.土壤碳循环微生物作用研究进展[J].华中农业大学学报,2024,43(4):70-81.
ZHAN A L,HUANG M,YIN L,et al. Roles of microorganisms in carbon cycling in soil[J]. Journal of Huazhong Agricultural University,2024,43(4):70-81.

[29] WANG J J,XIE R Q,HE N N,et al. Five years nitrogen reduction management shifted soil bacterial community structure and function in high-yielding 'super' rice cultivation[J]. Agriculture,Ecosystems & Environment,2024,360:108773.

[30] 王玖程,王兴明,董思奇,等.吉林省中部地区退耕还林对黑土土壤细菌和真菌群落结构的影响[J].农业资源与环境学报,2023,40(4):917-926.
WANG J C,WANG X M,DONG S Q,et al. Effects of the grain for green project on bacteria and fungi community structure in the black soil of central Jilin Province,China[J]. Journal of Agricultural Resources and Environment,2023,40(4):917-926.

[31] 颜明娟,陈玉真,林诚,等.连续配施有机肥对茶园土壤细菌群落结构及功能类群的影响[J].农业环境科学学报,2024,43(12):2959-2973.
YAN M J,CHEN Y Z,LIN C,et al. Effects of continuous chemical fertilizer combined with organic manure on soil bacterial community structure and functional groups in tea gardens[J]. Journal of Agro-Environment Science,2024,43(12):2959-2973.

[32] 江其朋,余佳敏,王金峰,等.土壤理化性质驱动烤烟根际细菌群落的组配及其共现性网络互作[J].微生物学报,2023,63(3):1168-1184.
JIANG Q P,YU J M,WANG J F,et al. Soil properties affect bacterial community assembly and co-occurrence network in tobacco rhizosphere[J]. Acta Microbiological Sinica,2023,63(3):1168-1184.

(责任编辑:陈丽)