



张佳林,付乾堂,刘长安.不同栽培措施对土壤特性及星油藤产量的影响[J].黑龙江农业科学,2024(9):15-24.

不同栽培措施对土壤特性及星油藤产量的影响

张佳林^{1,2},付乾堂¹,刘长安¹

(1.中国科学院西双版纳热带植物园/热带植物资源可持续利用重点实验室,云南 勐腊 666303; 2.中国科学院大学,北京 100049)

摘要:为有效预防及减轻星油藤根茎腐病并提高星油藤产量,从土壤环境入手,设置5种栽培措施,S1(只种植星油藤,对照处理)、S2(星油藤和大豆间作处理)、S3(种植穴和表土层石灰消杀处理)、S4(施用硫肥处理)和S5(覆膜处理),探讨不同的栽培模式对星油藤患病病株根际土壤微生物群落结构组成与多样性、土壤特性及星油藤产量的影响。结果表明,(1)星油藤根茎腐病的发生改变了土壤细菌和真菌群落的多样性和丰富度,且不同栽培处理中星油藤病株根际土壤中优势细菌门(变形菌门、拟杆菌门和放线菌门)的相对丰度要高于不同栽培处理中正常非根际土壤中的优势细菌门丰度;(2)从2021年8月到2023年1月,S3处理提高了土壤交换性钙、镁的含量和pH,降低了土壤交换性铝的含量;(3)试验周期后,S1、S2、S3、S4和S5处理星油藤的产量分别为4 070.9,4 938.3,6 065.4,4 220.2和4 985.2 kg·hm⁻²。S3种植穴石灰消杀处理相比于S1对照处理,星油藤产量提高了48.99%。最终得出,星油藤发生根茎腐病后会显著影响土壤微生物群落的结构组成及 α 多样性,其中土壤细菌 α 多样性病株根际土壤和正常非根际土壤均是种植穴石灰消杀处理最高,而病株根际土壤真菌 α 多样性也是种植穴石灰消杀处理最高;随着种植年限的增加,种植穴石灰消杀栽培模式能显著提高土壤pH、土壤交换性钙、交换性镁的含量,降低土壤中交换性铝的含量,且能显著提高星油藤的产量,是一种适合星油藤的栽培方式。

关键词:星油藤;根茎腐病;栽培措施;土壤微生物;土壤养分;产量

星油藤(*Plukenetia volubilis* L.),为大戟科多年生木质藤本植物,又名南美油藤、印加果、印加花生^[1],原生长在海拔80~1 700 m的南美洲安第斯(Andres)山脉地区的热带雨林^[2]。星油藤种子中含有丰富的营养成分,包括不饱和脂肪酸(ω -3、 ω -6和 ω -9)、蛋白质和维生素,并且由于大戟科植物中所含的生物活性成分种类多,因而大部分大戟科植物都具有抗肿瘤、抗菌、抗氧化和抗病毒等药用作用^[3-5]。同时星油藤还具有降血脂、降血压,预防心血管疾病、保养肌肤等作用,因此星油藤广泛应用于食品、保健品、药品等多个领域^[6-7]。考虑到星油藤较高的经济价值和营养价值,2006年,中国科学院西双版纳热带植物园从秘鲁引进种植星油藤并于2008年试种成功。随后,在海南、贵州、广西等地也开始推广种植星油藤。然而,随着种植年限的增加,云南省和海南省种植区的星油藤出现了叶片变黄、萎蔫、脱落,最后整个植株干枯死亡,且一株星油藤的死亡也会导致种植区的星油藤大面积死亡,最后发现是因为星油藤根部腐烂进而导致的基茎部腐烂。经鉴

定,尖孢镰刀菌是导致云南省西双版纳地区星油藤出现根茎腐病的原因^[8],而海南地区种植的星油藤茎腐病则是由于茄青枯雷尔氏菌、茄病镰刀菌等致病菌引起的^[9-10]。关于减轻及预防星油藤根茎腐病的措施研究表明,与丛枝菌根真菌共生提高星油藤的抗病性^[11];通过嫁接、药水浸提以及合理轮作等方式能够提高星油藤抗病性^[12-14],也可通过改善星油藤生长的土壤环境或筛选抗病品种以及生物防治等措施来预防及减轻星油藤根茎腐病^[15-18]。到目前为止尚未有研究通过不同的栽培模式以土壤环境为着手点来寻找能够预防星油藤根茎腐病及提高星油藤产量的方法,因而本研究从不同的栽培措施出发,探讨了其对土壤特性及星油藤产量的影响,以期找出适合星油藤可持续健康发展栽培的模式。

1 材料与方法

1.1 试验地概况

本试验选取2020年10月种植的星油藤作为研究对象,样方地点选在中国云南省西双版纳傣族自治州勐腊县勐仑镇中国科学院西双版纳热带

收稿日期:2024-03-18

基金项目:中国科学院先导研究项目(XDA24030502);云南省科技厅重点研发计划(202003AD15001)。

第一作者:张佳林(1998—),女,硕士研究生,从事环境生态土壤微生物研究。E-mail:2092409760@qq.com。

通信作者:刘长安(1978—),男,博士,副研究员,从事作物栽培研究。E-mail:liuchangan@xtbg.ac.cn。

植物园东区(21°54'N,101°15'E),海拔 500~520 m,坡度在 20°以下,年平均气温 21.4℃。年降水量在 1 500 mm 左右。土壤为砖红壤,pH5.0 左右。

1.2 试验设计

本试验共设置 5 个栽培处理,各处理 3 个重复,各小区长 5 m,宽 4 m。各小区种植 3 垄星油藤,行距为 1.5 m;每个垄内种植 3 株星油藤,每垄星油藤株距为 0.9 m,小区随机排列。5 个星油藤种植栽培模式处理分别是:对照处理 S1,只种植星油藤;大豆间作处理 S2,大豆与星油藤间作;石灰处理 S3,对星油藤种植穴进行石灰消杀;硫肥处理 S4,对星油藤种植区施加硫肥;覆膜处理 S5,种植星油藤时进行地膜覆盖。

1.3 测定项目及方法

1.3.1 土壤样品采集 土壤养分及理化性质样品的采集在每年的 1 月和 8 月进行,各小区设置 9 个取样点,取样深度为 0~20 cm,9 个取样点的土样混合为 1 个土样,每个处理 3 个土样。采集的土壤自然风干,随后过 100 目筛,用于土壤理化性质的测定。于 2023 年 3 月另取不同栽培模式下患茎腐病后的星油藤病株根际土壤和正常非根际土壤。即在不同重复小区所取得的星油藤病根根际土壤。各小区,取 9 钻 0~20 cm 深度的土壤并混合成一个样品,用无菌塑封袋密封冷藏保存,取样后送回实验室,去除土样中的杂草、砾石、土块、植物残体后送至北京诺禾致源科技股份有限公司进行高通量测序,并将这些样品记录为正常非根际土壤。而星油藤病根根际土壤同上述步骤,在各小区中挖出星油藤病根,并抖落其根系及周围土壤,同样用无菌塑封袋密封冷藏保存,取样后送回实验室,同样去除土样中的杂草、砾石、植物残体等作为根际土壤样品,不同的栽培处理分别记为 RS1、RS2、RS3、RS4 和 RS5,并送至北京诺禾致源科技股份有限公司进行高通量测序。

1.3.2 星油藤产量的测定 从 2021 年 7 月星油藤成熟后开始测定星油藤产量,每月月底采摘各小区所有成熟的星油藤果实,晾晒后进行称量并记录产量数据。

1.3.3 土壤养分及理化性质的测定 土壤 pH 采用电位法(水土比为 2.5:1,v:w)用无 CO₂ 蒸馏水浸提测定;土壤交换性铝采用 1 mol·L⁻¹ 的 KCl 淋洗,并用 NaOH 滴定法对土壤样品进行分析;而交换性 Ca 和 Mg 采用 NH₄Ac 浸提-原子吸收分光光度计法对土壤样品进行分析。

1.3.4 土壤微生物样品提取及 16S rDNA 文库构建与测序 由北京诺禾致源科技股份有限公司

采用磁珠法土壤基因组 DNA 提取试剂盒(TianGen),对样品基因组 DNA 进行提取。细菌使用 515F/806R 特异引物对 16S rRNA 的 V4 可变区进行 PCR 扩增,真菌使用 ITS5F/ITS2R 特异引物对 ITS1 区域进行 CR 扩增。用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 的纯度和浓度,PCR 产物使用 2% 浓度的琼脂糖凝胶进行电泳检测,对目的条带使用通用型 DNA 纯化回收试剂盒(TianGen)回收产物。使用 NEB Next® Ultra™ II FS DNA PCR-free Library Prep Kit(New England Biolabs)进行文库构建,构建好的文库经过 Qubit 和 Q-PCR 定量,文库合格后,使用 NovaSeq6000 进行 PE 250 上机测序。

1.4 数据分析

土壤微生物细菌真菌丰度根据每个样本在不同分类等级(门、纲、目、科、属、种)的丰度前 10 的物种,在 R 软件(Version 4.0.3)中通过 SVG 函数绘制 Perl 中相对丰度的分布直方图。从 QIIME2(Version 202202)中 Chao1、Shannon 和 Pielou 的 3 个指数计算 Alpha 多样性,并采用 SPSS(Version 25.0)软件进行土壤样品 Alpha 多样性的统计分析。

采用 Excel 2021 软件对数据进行初步整理,使用 SAS(Version 8.0)软件对土壤养分及理化性质数据进行处理,分析不同土壤栽培处理下的 pH、交换性盐基(Ca、Mg)和交换性铝(Al)的差异($P \leq 0.05$),并使用 Sigmaplot(Version 14.0)绘制星油藤产量等图表。

2 结果与分析

2.1 不同栽培处理对星油藤土壤微生物群落结构组成的影响

2.1.1 细菌群落结构组成 门的分类:由图 1A 可知,在细菌门分类水平上,星油藤正常非根际(S1~S5)和病株根际(RS1~RS5)土壤不同栽培处理细菌群落主要包括变形菌门(Proteobacteria)、酸杆菌门(Acidobacteriota)、未知菌门(Unidentified_Bacteria)、拟杆菌门(Bacteroidota)、放线菌(Actinobacteria,细菌门分类水平放线菌门的特定细菌种类)、疣微菌门(Verrucomicrobiota)、绿弯菌门(Chloroflexi)、放线菌门(Actinobacteriota)、浮霉菌门(Planctomycetota)、粘菌门(Myxococcota)。其中,变形菌门、酸杆菌门、未知菌门、拟杆菌门和放线菌门是优势门。在正常非根际土壤中,S1、S2、S3、S4 和 S5 处理优势细菌门的总相对丰度分别为 62.41%、61.21%、60.03%、59.68%和 59.48%。S3

处理的变形菌门丰度高于其他处理,酸杆菌门丰度则低于其他处理。而在病株根际土壤中,RS1、RS2、RS3、RS4 和 RS5 的总相对丰度分别为 63.00%、62.22%、61.18%、65.48%和 66.15%。其中 RS5 土壤中变形菌门的丰度要高于其他处理,而酸杆菌门的丰度则低于其他处理。但在优势细菌门水平上,正常非根际土壤(S1~S5)中酸杆菌门和未知菌门的相对丰度要高于病株根际土壤(RS1~RS5)中酸杆菌门和未知菌门的相对丰度。而变形菌门、拟杆菌门和放线菌门的相对丰度低于病株根际土壤(RS1~

RS5)中变形菌门、拟杆菌门和放线菌门的相对丰度。

属的分类:在细菌属分类水平上(图 1B),在正常非根际土壤(S1~S5)处理中,芽胞杆菌属(*Niabella*)的相对丰度几乎为零,而病株在根际土壤(RS1~RS5)处理中,仅在 RS5 处理中存在芽胞杆菌属且其相对丰度为 2.05%。*Candidatus_Solibacter*(未找到其中文名)和 ADurb(未找到其中文名)在根际土壤中的相对丰度要低于正常非根际土壤,而假黄色单胞菌属(*Pseudoxanthomonas*)在病株根际土壤中的相对丰度要高于正常非根际土壤。

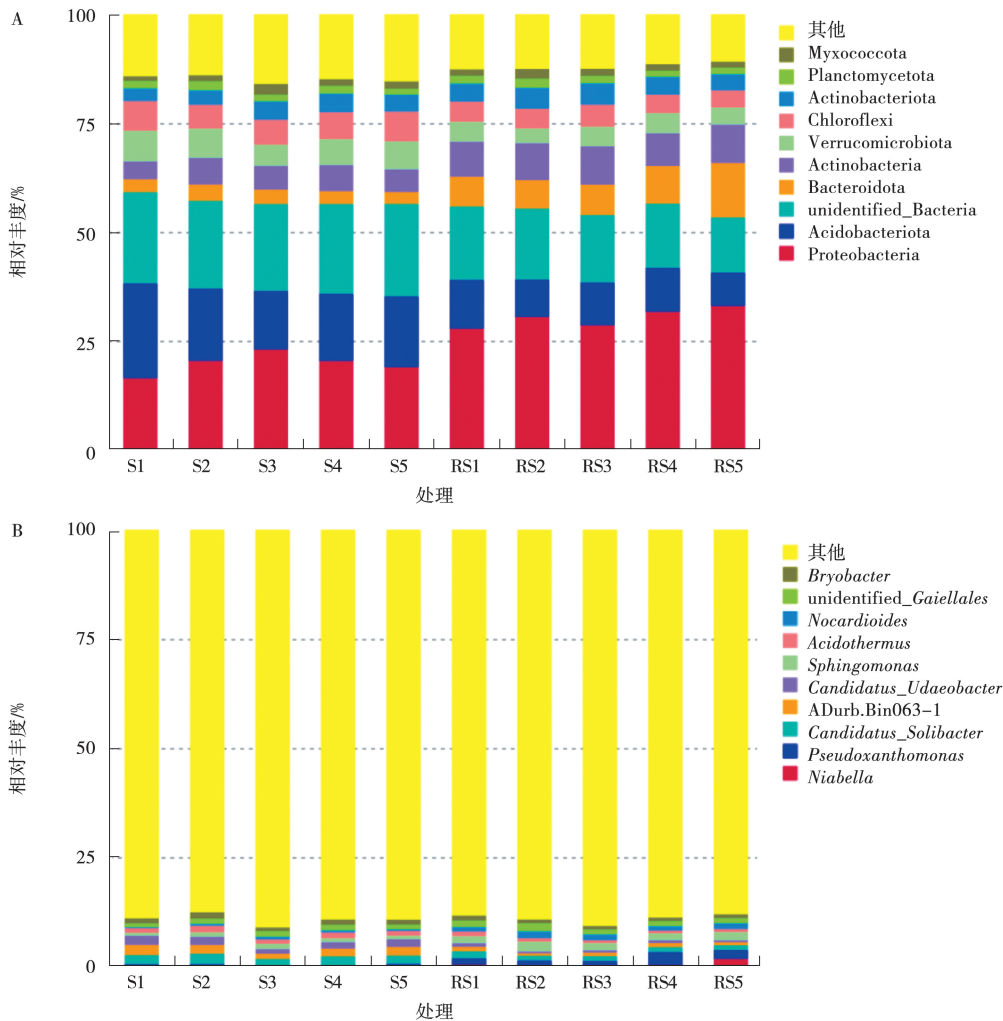


图 1 不同栽培处理对星油藤土壤细菌门水平(A)和属水平(B)群落结构组成的影响

2.1.2 真菌群落结构组成 门的分类:在真菌门分类水平上(图 2A),非根际土壤(S1~S5)和根际土壤(RS1~RS5)不同栽培处理的真菌群落主要包括担子菌门(Basidiomycota)、子囊菌门(Ascomycota)、未知真菌门(Fungi_phy_incertae_sedis)、壶菌门(Chytridiomycota)、球囊菌门(Glomeromycota)、毛霉门(Mucoromycota)、Mortierellomycota(未找到其中

文名)、芽枝霉门(Blastocladiomycota)、罗兹菌门(Rozellomycota)、梳霉亚门(Kickxellomycota)。其中正常非根际土壤不同栽培处理下,S1~S5 处理担子菌门和子囊菌门总相对丰度分别为 56.97%、59.77%、36.99%、64.34%和 44.87%;其中 S3 处理中,担子菌门的丰度最低;S4 处理中,子囊菌门的丰度最高。而根际土壤不同栽培处理中担子菌门和子囊菌门的总

相对丰度分别为 51.11%、61.52%、51.48%、62.27% 和 44.89%。在优势真菌门中,正常非根际土壤栽培处理中 S2 和 S5 的担子菌门相对丰度显著高于病株根际土壤栽培处理 RS2 和 RS5 的担子菌门相对丰度,而 S2、S3 和 S5 的子囊菌门相对丰度显著低于 RS2、RS3 和 RS5 处理的子囊菌门相对丰度,RS4 的芽枝霉门(Blastocladiomycota)相对丰度为 0。

属的分类:在真菌属水平上(图 2B),S2 中小皮伞属(*Marasmius*)的相对丰度为 21.41%,而 RS2 和

RS3 中小皮伞属的相对丰度分别为 1.76% 和 1.49%。其他处理的相对丰度几乎为 0。镰刀菌属(*Fusarium*)在病株根际土壤中的相对丰度高于正常非根际土壤。S1 处理的粉褶蕈属(*Entoloma*),S4 处理的黑葱花霉属(*Periconia*),S5 处理的伞菌属(*Agaricus*)和 RS2 处理的 *Simplicillium*(未找到中文名)的相对丰度分别为 4.95%、7.81%、3.04% 和 2.99%。在 S5、RS1、RS4 和 RS5 处理中,炭团菌属(*Hypoxylon*)的相对丰度为 0。

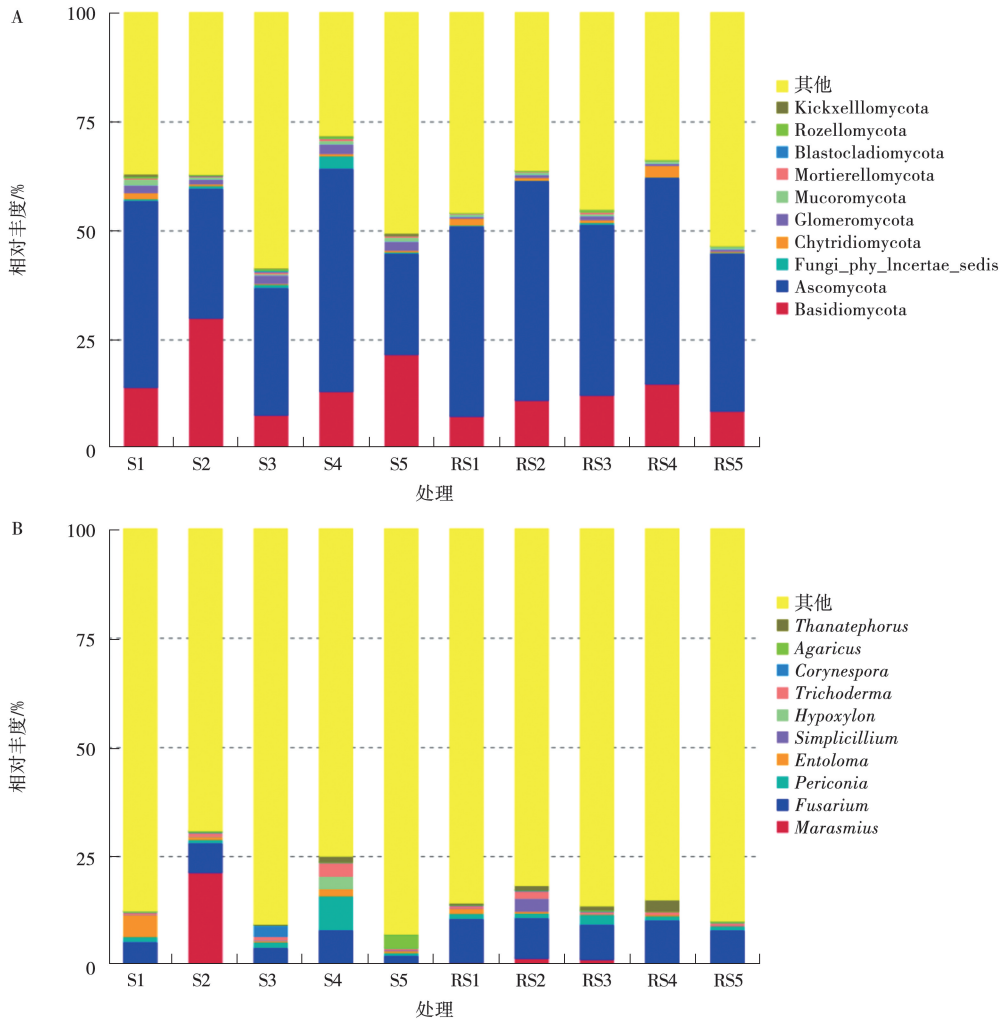


图 2 不同栽培处理对星油藤土壤真菌门水平(A)和属水平(B)群落结构组成的影响

2.2 不同栽培处理对星油藤土壤微生物多样性的影响

2.2.1 细菌多样性 由表 1 可知,正常非根际土壤中,S2、S3、S4 和 S5 处理的 Chao 1 指数、Shannon 指数和 Pielou 指数均高于 S1 处理。其中,S3 处理的细菌丰富度和多样性显著高于 S1 和 S2 处理。而在星油藤病株根际土壤中,RS3 的 Chao 1 指数、Shannon 指数和 Pielou 指数均高于 RS1 处

理。RS2 的 Chao 1 指数高于 RS1 处理,但 Shannon 指数低于 RS1 处理,Pielou 指数无差异。RS5 的 Chao 1 指数、Shannon 指数和 Pielou 指数均低于 RS1。

而将病株根际与正常非根际不同栽培处理进行比较发现,RS3、RS4 和 RS5 处理的 Chao 1 指数和 Shannon 指数要低于相应的 S3、S4 和 S5 处理,而 RS5 处理的 Pielou 指数要低于 S5 处理。

但 RS1 和 RS2 相比于 S1 和 S2 处理,Chao 1 指数和 Shannon 指数均有所升高且与 S1 和 S2 处理具有显著性差异,RS1 处理的 Pielou 指数高于 S1 处理,但差异不显著。

表 1 不同栽培处理对星油藤根际和非根际土壤细菌微生物群落多样性指数的影响

土壤类别	处理	细菌微生物群落多样性指数		
		Chao 1 指数	Shannon 指数	Pielou 指数
非根际土壤	S1	2125.86±38.78 d	9.93±0.16 d	0.90±0.01 b
	S2	2709.74±319.14 c	10.30±0.19 c	0.91±0.01 ab
	S3	3572.02±25.10 a	10.83±0.03 a	0.92±0.00 a
	S4	3298.06±130.10 ab	10.59±0.09 abc	0.91±0.00 ab
	S5	3417.32±42.05 ab	10.69±0.04 ab	0.91±0.00 ab
根际土壤	RS1	3346.28±107.82 ab	10.65±0.08 abc	0.91±0.00 ab
	RS2	3354.74±92.83 ab	10.59±0.05 abc	0.91±0.00 ab
	RS3	3400.39±77.59 ab	10.71±0.07 ab	0.92±0.00 ab
	RS4	3242.74±44.94 ab	10.59±0.05 abc	0.91±0.00 ab
	RS5	3061.44±242.95 bc	10.41±0.17 bc	0.90±0.01 ab

注:不同小写字母表示存在显著性差异($P\leq 0.05$)。下同。

2.2.2 真菌多样性 由表 2 可知,在正常非根际土壤中,S3 和 S4 处理的 Chao 1 指数显著高于 S2 处理,S2 和 S5 处理的 Chao 1 指数低于 S1 处理,但差异不显著。S2、S3 和 S5 处理的 Shannon 指数低于 S1 处理,除 S2 处理与 S1 处理具有显著性差异外,S3 和 S5 处理与 S1 处理差异不显著,而 S4 处理的 Shannon 指数最高,且与 S1 处理没有显著性差异。S2、S3、S4 和 S5 的 Pielou 指数均低于 S1 处理,其中 S2 处理和 S1 处理之间具有显著性差异。RS2 和 RS3 处理的 Chao 1 指数和 Shannon 指数均高于 RS1 处理,但没有显著性差异。RS2 处理的 Pielou 指数高于 RS1,但没有显著性差异。RS4 和 RS5 的 Chao 1 指数、Shannon 指数和 Pielou 指数均低于 RS1,但没有显著性差异。对比不同栽培措施下病株根际和正常非根际

不同土壤栽培处理发现,除 RS2 的 Chao 1 指数要高于 S2 处理外,其他病株根际土壤处理的 Chao 1 指数均比正常非根际土壤低;除 S4 与 RS4、RS5 和 S5 之间具有显著性差异外,其他处理病株根际土壤和正常非根际土壤处理之间的 Chao 1 指数差异均不显著。

与 S1、S2 和 S3 相比,RS1、RS2 和 RS3 的 Shannon 指数均有所升高,其中 RS2 与 S2 处理之间具有显著性差异。RS4 和 RS5 与 S4 和 S5 处理相比,其 Shannon 指数则有所降低,但总体上差别不大。与 S4 处理相比,RS4 处理的 Pielou 指数有所下降,但差异不显著。与 S1、S2、S3 和 S5 处理相比,RS1、RS2、RS3 和 RS5 处理的 Pielou 指数均有所升高,且 RS2 和 S2 处理之间具有显著性差异(表 6)。

表 2 不同栽培处理对星油藤根际和非根际土壤真菌微生物群落多样性指数的影响

土壤类别	处理	真菌微生物群落多样性指数		
		Chao 1 指数	Shannon 指数	Pielou 指数
非根际土壤	S1	946.99±108.20 abc	6.48±0.62 a	0.66±0.05 a
	S2	835.07±101.50 bcd	5.16±0.77 b	0.53±0.07 b
	S3	1050.57±20.25 a	6.41±0.43 ab	0.64±0.04 ab
	S4	1060.36±18.84 a	6.57±0.43 a	0.65±0.04 a
	S5	944.50±65.31 abc	6.02±0.29 ab	0.61±0.02 ab
根际土壤	RS1	890.37±46.71 abcd	6.57±0.19 a	0.67±0.01 a
	RS2	938.09±38.28 abc	6.66±0.15 a	0.68±0.01 a
	RS3	995.32±33.87 ab	6.66±0.09 a	0.67±0.01 a
	RS4	773.79±66.38 cd	6.10±0.14 ab	0.64±0.01 ab
	RS5	701.00±23.56 d	5.85±0.12 ab	0.62±0.01 ab

2.3 不同栽培处理对星油藤土壤养分及理化性质的影响

由图 3A 可知,2020 年 10 月—2023 年 1 月,随着时间的推移,S1、S2、S4 和 S5 处理的土壤交换性钙(Ca)含量较 2020 年的初始值并未发生明显的变化,但 S3 处理的土壤交换性 Ca 含量从 2021 年 1 月份显著增加,其中 2021 年 8 月—2023 年 1 月份,S3 处理的土壤交换性 Ca 含量与其他的栽培模式之间具有显著性差异。

由图 3B 可知,2020 年 10 月—2022 年 1 月,S1~S5 处理土壤交换性镁(Mg)含量均有上升,其中 S3 处理的土壤交换性 Mg 含量在 2021 年 8 月

到 2022 年 1 月显著上升,2022 年 1 月 S3 处理的土壤交换性 Mg 含量与其他处理之间具有显著性差异。而 2022 年 1 月—2022 年 8 月,除 S3 处理外,其他处理的土壤交换性 Mg 含量呈现下降趋势,尤其是 S1 处理,其下降幅度较大,S3 处理与其他处理之间的土壤交换性 Mg 含量仍然具有显著性差异,但 2022 年 8 月—2023 年 1 月,除 S3 处理外,其余处理的土壤交换性镁 Mg 含量稍有上升,但 S3 处理的土壤交换性 Mg 含量仍然与其他处理具有显著性差异。总的来说除 S3 处理外,截止到 2023 年 1 月份,S1、S2、S4、S5 处理的土壤交换性 Mg 含量较初始值并没有明显改变。

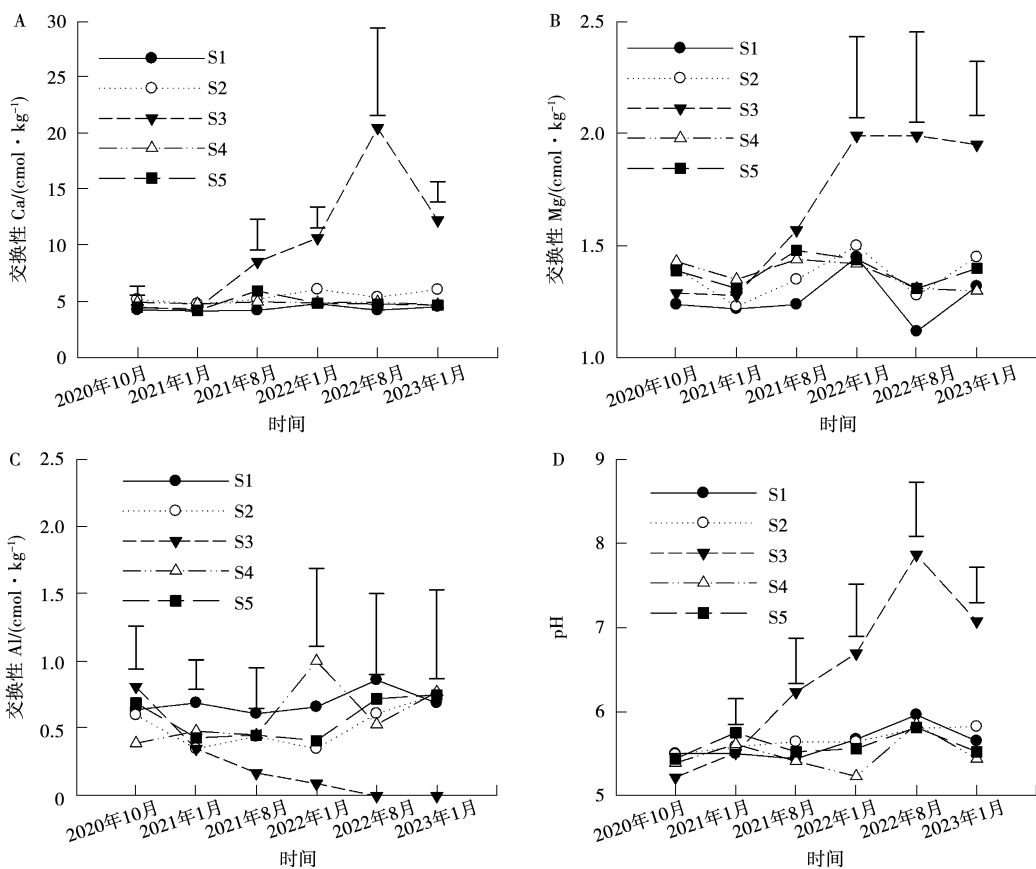


图 3 2020 年 10 月—2023 年 1 月不同栽培模式下土壤交换性 Ca、Mg、Al 及 pH 的变化

注: 图中竖线代表处理间的最小显著性差异 LSD,数值间差异大于此竖线,则代表存在显著差异($P \leq 0.05$)。

由图 3C 可知,从 2020 年 10 月开始,S1、S2、S4、S5 处理的土壤交换性铝(Al)含量总体上呈现上升趋势,其中 2022 年 1 月,S4 处理的土壤交换性 Al 含量要高于其他处理,而 2021 年 1 月、2021 年 8 月和 2022 年 8 月,S1 处理的土壤交换性 Al 含量要高于其他处理,而 S3 处理的土壤交换性 Al 含量从 2020 年 10 月—2023 年 1 月持续下降,且与其他处理具有显著性差异。

由图 3D 可知,从 2020 年 10 月—2023 年 1 月,S1、S2、S4、S5 处理的 pH 相较于初始值未发生较明显的变化且呈酸性。而 S3 处理土壤的 pH 从 2020 年 10 月—2022 年 8 月呈现逐渐上升的趋势,且与其他处理之间具有显著性差异,而 2022 年 8 月—2023 年 1 月,S3 处理的土壤 pH 有所下降,但仍然与其他处理之间具有显著性差异。

2.4 不同栽培处理对星油藤产量的影响

由图4可知,2021年7月至2023年6月,在不同栽培模式处理下,S3处理星油藤的产量显著高于S1和S4处理。其中S1处理和S4处理、S2和S5处理间星油藤产量没有显著性差异,S2和S4处理星油藤产量虽有差异,但差异不显著。在试验期间,S1~S5处理星油藤产量分别是4 070.9, 4 938.3, 6 065.4, 4 220.2和4 985.2 kg·hm⁻²。

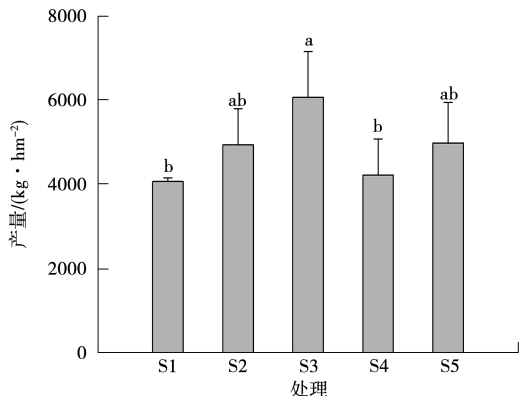


图4 2021年7月—2023年6月不同栽培模式对星油藤产量的影响

注:不同小写字母表示处理间差异显著($P \leq 0.05$)。

3 讨论

3.1 土壤微生物群落结构组成及多样性变化

土壤是植物生产的载体,由于其具有各种微生物生长发育所必需的养分、水分、空气、pH、渗透压和温度,其不仅是微生物生存的良好环境^[19],也是生态环境最基本的要素^[20]。微生物、土壤和作物之间的相互关系是农业生态系统的主要驱动力^[21]。土壤微生物作为陆地生态系统的功能引擎,在土壤结构维持、有机质分解与积累、养分循环、温室气体排放与消耗、生态系统稳定等方面发挥着不可替代的作用^[22-23]。根际是受根分泌物影响最大的微小区域,同时也是土壤微生物与植物相互作用的重要场所^[24],根际微生物群落组成对作物营养、生长、抗病性和危害均有重要影响^[25]。根际微生物多样性和相对丰度与植物病害密切相关^[26-27]。研究根际微生物的群落组成和多样性可以直观地反映土壤质量的变化,有助于揭示根系对根际环境的影响机制^[28-29]。

本研究中,不同栽培模式下的星油藤病根根际土壤(RS1~RS5)与非根际土壤(S1~S5)相比,土壤细菌和真菌丰度都发生了相应的变化,优势细菌门和优势真菌门也随着星油藤根茎腐病的发生产生了相应的变化。在门水平下的细菌群落

组成中,非根际土壤(S1~S5)和根际土壤(RS1~RS5)的优势菌门均为变形菌门(Proteobacteria)、酸杆菌门(Acidobacteriota)、未知菌门(Unidentified Bacteria)、拟杆菌门(Bacteroidota)和放线菌门(Actinobacteria)。当星油藤发生根茎腐病后,星油藤病根根际土壤的变形菌门和拟杆菌门(Bacteroidota)的相对丰度明显高于非根际土壤。变形菌门(Proteobacteria)分布广泛,为富营养型细菌^[30],此种细菌能够适应多种植物根际微环境,且能够在碳源较丰富的土壤环境中迅速增长^[31],在拟南芥、玉米、枸杞等植物根际土壤中也有发现^[32]。变形菌门(Proteobacteria)也是一种潜在的致病性细菌,其相对丰度的增加会导致结肠肠道菌群失调^[33]。而拟杆菌门(Bacteroidota)是造成土壤烃污染的主要细菌类群,其相对含量的增加可能会导致土壤环境抗性降低,植物病害发生率增加^[34]。而星油藤病株根际土壤(RS1~RS5)处理的酸杆菌门的丰度要低于正常非根际土壤(S1~S5)处理。酸杆菌门属于嗜酸菌,含有纤维素酶编码基因,能够在植物聚合物的培养基上生长,并且能够促进植物残体降解、参与铁循环,且具有光合作用能力,在土壤生态系统中发挥重要作用。一般情况下,根际较非根际土壤pH低,这是由于植物根际能够分泌有机酸,使得根际土壤更有利于酸杆菌某些亚群细菌的生长。但酸杆菌门属于寡营养类群,根际的高营养环境不利于酸杆菌细菌的定殖和繁殖,因而在低营养环境中的丰度反而更高^[35-37]。

在门水平下的真菌群落结构组成上,根际土壤(RS1~RS5)和非根际土壤(S1~S5)分别为担子菌门(Basidiomycota)和子囊菌门(Ascomycota)。在土壤优势真菌门中,RS2和RS5处理的担子菌门(Basidiomycota)相对丰度显著低于非根际土壤的S2和S5处理,子囊菌门(Ascomycota)的相对丰度在RS2、RS3和RS5处理中显著低于S2、S3和S5处理。担子菌门(Basidiomycota)对木质纤维素的分解能力强^[38],为寡营养型真菌^[39],且能与植物共生形成菌根提高植物抗性^[40]。而子囊菌门(Ascomycota)是迄今为止真菌界最大的群体,以腐生菌居多,可以分解多种难降解物质^[41-42],能够有效应对环境的变化,且对环境变化具有抵抗力^[43],同时在土壤有机质降解中也发挥着重要作用,而腐生的子囊菌可引起动植物残体的分解并降解木质素等有机质,在生态系统的养分循环中发挥重要作用^[44],其含量的降低可能会影响土壤肥力^[45],通常被认为是富营养型真菌^[39]。

3.2 土壤养分及理化性质

健康的土壤是粮食安全和可持续农业发展的基础,土壤理化性质是土壤健康的重要指标^[46]。土壤养分不仅是植物生长必需元素的来源,同时也是评价土壤质量的关键指标之一^[47-48]。在一定程度上,植物连作会导致土壤 pH 下降,这可能与根分泌物中的酸性成分导致土壤环境呈现酸性有关^[49-51]。

2020 年 10 月—2023 年 1 月,星油藤不同栽培模式处理下的土壤 pH 相较于 2020 年 10 月均有所增加。土壤 pH 升高可能是施肥的结果,也可能与连作所造成的土壤养分耗竭有关^[52-54]。但 S4 处理在 2021 年 8 月—2022 年 1 月却出现了下降趋势,这不同于其他栽培处理 pH 的变化趋势。可能是因为通过 S4 处理施加硫肥后,大部分硫肥通过吸附和固定作用储存在土壤中,并在土壤中发生一系列迁移转化,直接或间接地影响土壤的性质^[55]。硫是一种易氧化难还原的元素,已有研究表明,土壤中硫化物、二氧化硫和元素硫在微生物作用下易被氧化为 SO_4^{2-} ,造成土壤酸化^[56]。并且有研究表明,施用硫肥可以降低弱碱性土壤的 pH,并且随着硫肥含量的增加,土壤 pH 下降更为显著^[57]。

除 S3 处理外,其他栽培处理的 pH 均未呈现出明显的下降趋势,但 pH 均保持在 6.0 左右的酸性环境以下。由于 S3 是种植穴石灰消杀处理,因而土壤 pH 显著增加。钙化是一种普遍的全球农业实践,用于提高酸性农业土壤的生产力^[58]。从目前 S3 处理对星油藤产量的影响来看,施用石灰处理确实能够在一定程度上提高星油藤产量并在一定程度上预防及减轻星油藤根茎腐病。

土壤交换性盐基的含量能反映出土壤盐基类元素的有效性及其运移状况,这为土壤肥力状况提供了参考^[59]。土壤交换性碱基中,交换性 Ca、Mg、Al 含量基本不随着星油藤种植年限的增加以及星油藤根茎腐病的发生而产生较大的变化,但 S3 处理土壤交换性 Ca、Mg 含量显著增加,交换性 Al 含量显著降低。交换性 Ca 和 Mg 主要吸附在土壤胶体表面,在酸性土壤环境下可被土壤中的大量 H^+ 交换,进入溶液供植物利用或流失,因此在酸性土壤环境中交换性 Ca、Mg 含量较低,而碱性土壤环境中交换性 Ca、Mg 含量较高^[60],而 S3 处理通过种植穴石灰消杀,使得土壤 pH 升高,土壤由酸性土壤变为碱性土壤,因而土壤中交换性 Ca、Mg 含量显著增加。石灰和生物炭常被用作酸性土壤的改良剂,施用石灰可以提高土壤 pH,补充 Ca 等养分,改善土壤酸化,从而提高土

壤微生物活性,加速土壤有机氮向无机氮的转化^[61-62]。土壤交换性 Al 主要是衡量土壤交换性酸度的指标,因此 S3 处理的交换性 Al 含量随着时间的增加呈显著下降趋势,直至为零。

4 结论

星油藤发生根茎腐病后,改变了土壤微生物群落结构组成,其中根际土壤中优势细菌门(变形菌门、拟杆菌门、放线菌门)的相对丰度要高于非根际土壤。土壤微生物细菌和真菌丰富度和多样性在星油藤发病后的根际土壤相比于正常非根际土壤会出现减少或者增加的变化趋势,其中土壤细菌 α 多样性病根根际土壤和正常非根际土壤均是种植穴石灰消杀处理最高,而土壤真菌 α 多样性根际土壤种植穴石灰消杀处理最高。2021 年 8 月—2023 年 1 月, S3 处理土壤交换性 Ca、Mg 和 pH 增加,土壤交换性铝含量下降。星油藤种植穴石灰消杀栽培模式下可以显著提高土壤交换性 Ca、Mg 的含量,降低交换性 Al 含量,提高土壤 pH,使得土壤环境更有利于星油藤生长。

在试验期间, S1 对照处理(星油藤单作)、S2 星油藤大豆间作处理、S3 种植穴石灰消杀处理、S4 施加硫肥处理和 S5 覆膜处理星油藤总产量分别是 4 070.9, 4 938.3, 6 065.4, 4 220.2 和 4 985.2 $\text{kg} \cdot \text{hm}^{-2}$ 。S3 种植穴石灰消杀处理相比于 S1 对照处理,星油藤产量提高了 48.99%。S3 处理能显著提高星油藤产量,是一种值得推广的栽培模式。

参考文献:

- [1] 罗旭璐,袁雨川,贺鹏,等.美藤果籽粕多酚的提取及其抗氧化活性测定[J].林业科技开发,2015,29(1):75-78.
- [2] 蔡志全,杨清,唐寿贤,等.木本油料作物星油藤种子营养价值的评价[J].营养学报,2011,33(2):193-195.
- [3] 戴传超,余伯阳,徐增莱,等.大戟科 4 种药用植物及其内生真菌脂肪酸组分研究[J].中国中药杂志,2001,26(9):592-595.
- [4] 严亨波,肖新月,马双成,等.大戟科 5 种有毒中药材的活性成分及质量标准研究进展[J].中国药师,2007,10(6):544-547.
- [5] 朱秀敏.大戟科药用植物中生物活性物质的保健及药理作用研究进展[J].现代农业科技,2011(5):14,16.
- [6] 夏辉,吕名蕊,刘建,等.油藤籽仁营养成分分析[J].粮食与食品工业,2013,20(2):9-11.
- [7] 杨小敏,张亚飞,胡鹏.美藤果油的研究开发进展[J].粮食与食品工业,2015,22(3):37-41.
- [8] 魏玉倩,唐婕,普晓兰,等.星油藤根腐病的症状和病原鉴定[J].西南林业大学学报(自然科学),2018,38(2):190-193.
- [9] YANG L Y, CHEN P, GUO L J, et al. First report of vine wilt disease caused by *Fusarium solani* on *Sacha inchi* (*Plukenetia volubilis*) in China[J]. Plant Disease, 2017, 101(9):1675.
- [10] CAI Q H, ZHOU G S, AHMED W, et al. Study on the

- relationship between bacterial wilt and rhizospheric microbial diversity of flue-cured tobacco cultivars[J]. *European Journal of Plant Pathology*, 2021, 160(2): 265-276.
- [11] 唐燕,葛立傲,普晓兰,等.丛枝菌根真菌(AMF)对星油藤根腐病的抗性研究[J]. *西南林业大学学报(自然科学)*, 2018, 38(6): 127-133.
- [12] 贾正燕,王昌梅,张啸,等.8种中药水提液对尖孢镰刀菌的抑制效果[J]. *湖南农业大学学报(自然科学版)*, 2022, 48(4): 454-459.
- [13] 高子勤,张淑香.连作障碍与根际微生态研究 I. 根系分泌物及其生态效应[J]. *应用生态学报*, 1998, 9(5): 549-554.
- [14] 苏亚星.青枯雷尔氏菌番茄宿主适应性基因的全基因组水平鉴定与功能探究[D]. 南宁:广西大学, 2022.
- [15] 刘玉珍,邓振山,高飞,等.一株巨菌草内生细菌的鉴定及其促生特性初步分析[J]. *广东农业科学*, 2018, 45(3): 88-93, 173.
- [16] 张欣悦.青枯病的发生特点及防治技术[J]. *安徽农学通报*, 2023, 29(13): 89-91.
- [17] 左娟,向金友,程智敏,等.土壤改良对烤烟青枯病的防治效果[J]. *农技服务*, 2011, 28(3): 336, 352.
- [18] AGARWAL M, DHEEMAN S, DUBEY R C, et al. Differential antagonistic responses of *Bacillus pumilus* MSUA3 against *Rhizoctonia solani* and *Fusarium oxysporum* causing fungal diseases in *Fagopyrum esculentum* Moench[J]. *Microbiological Research*, 2017, 205: 40-47.
- [19] 吴建峰,林先贵.土壤微生物在促进植物生长方面的作用[J]. *土壤*, 2003, 35(1): 18-21.
- [20] 张俊伶,张江周,申建波,等.土壤健康与农业绿色发展:机遇与对策[J]. *土壤学报*, 2020, 57(4): 783-796.
- [21] SINSABAUGH RL, BELNAP J, RUDGERS J, et al. Soil microbial responses to nitrogen addition in arid ecosystems[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2015, 6: 819.
- [22] 贺纪正,李晶,郑袁明.土壤生态系统微生物多样性-稳定性关系的思考[J]. *生物多样性*, 2013, 21(4): 412-421.
- [23] 陆雅海,傅声雷,褚海燕,等.全球变化背景下的土壤生物学研究进展[J]. *中国科学基金*, 2015, 29(1): 19-24.
- [24] 邓正昕,高明,王燕菱,等.化肥减量配施有机肥对柠檬根际/非根际土壤细菌群落结构的影响[J]. *环境科学*, 2023, 44(2): 1074-1084.
- [25] XIONG W, SONG Y Q, YANG K M, et al. Rhizosphere protists are key determinants of plant health[J]. *Microbiome*, 2020, 8(1): 27.
- [26] GARBEVA P, van VEEN J A, van ELSAS J D. Microbial diversity in soil: selection microbial populations by plant and soil type and implications for disease suppressiveness[J]. *Annual Review of Phytopathology*, 2004, 42: 243-270.
- [27] SHE S Y, NIU J J, ZHANG C, et al. Significant relationship between soil bacterial community structure and incidence of bacterial wilt disease under continuous cropping system[J]. *Archives of Microbiology*, 2017, 199(2): 267-275.
- [28] AVIDANO L, GAMALERO E, COSSA C P, et al. Characterization of soil health in an Italian polluted site by using microorganisms as bioindicators[J]. *Applied Soil Ecology*, 2005, 30(1): 21-33.
- [29] WALDROP M P, BALSER T C, FIRESTONE M K. Linking microbial community composition to function in a tropical soil[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2000, 32(13): 1837-1846.
- [30] FIERER N, BRADFORD M A, JACKSON R B. Toward an ecological classification of soil bacteria[J]. *Ecology*, 2007, 88(6): 1354-1364.
- [31] PASCAULT N, RANJARD L, KAISERMANN A, et al. Stimulation of different functional groups of bacteria by various plant residues as a driver of soil priming effect[J]. *Ecosystems*, 2013, 16(5): 810-822.
- [32] 赵帆,赵密珍,王钰,等.基于高通量测序研究草莓根际微生物群落结构和多样性[J]. *土壤*, 2019, 51(1): 51-60.
- [33] 郭仕辉,余永涛,万佳宏,等.变形菌门与哺乳动物结肠肠道菌群失调相关研究进展[J]. *中国微生态学杂志*, 2022, 8(4): 479-484.
- [34] KAPPELL A D, WEI Y, NEWTON R J, et al. The polycyclic aromatic hydrocarbon degradation potential of Gulf of Mexico native coastal microbial communities after the Deepwater Horizon oil spill[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2014, 5: 205.
- [35] 陈月星,温晓霞,孙瑜琳,等.地表覆盖对渭北旱作苹果园土壤细菌群落结构及多样性的影响[J]. *微生物学报*, 2015, 55(7): 892-904.
- [36] 王光华,刘俊杰,于镇华,等.土壤酸杆菌门细菌生态学研究进展[J]. *生物技术通报*, 2016, 32(2): 14-20.
- [37] ZENG J, LIU X J, SONG L, et al. Nitrogen fertilization directly affects soil bacterial diversity and indirectly affects bacterial community composition[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2016, 92: 41-49.
- [38] LUNDELL T K, MÄKELÄ M R, HILDÉN K. Lignin-modifying enzymes in filamentous basidiomycetes: ecological, functional and phylogenetic review[J]. *Journal of Basic Microbiology*, 2010, 50(1): 5-20.
- [39] LI H, YANG S, SEMENOV M V, et al. Temperature sensitivity of SOM decomposition is linked with a K-selected microbial community[J]. *Global Change Biology*, 2021, 27(12): 2763-2779.
- [40] 刘岳飞.基于传统和高通量测序技术研究地膜对辣椒土壤特性及微生物多样性的影响[D]. 南宁:广西大学, 2018.
- [41] BOSSUYT H, DENEFF K, SIX J, et al. Influence of microbial populations and residue quality on aggregate stability[J]. *Applied Soil Ecology*, 2001, 16(3): 195-208.
- [42] BEIMFORDE C, FELDBERG K, NYLINDER S, et al. Estimating the Phanerozoic history of the Ascomycota lineages: combining fossil and molecular data[J]. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 2014, 78: 386-398.
- [43] EGIDI E, DELGADO-BAQUERIZO M, PLETT J M, et al. A few Ascomycota taxa dominate soil fungal communities worldwide[J]. *Nature Communications*, 2019, 10(1): 2369.
- [44] 伍思宇,李宝财,李纪元,等.不同树种林下套种金花茶土壤微生物多样性分析[J]. *广西林业科学*, 2021, 50(2): 116-124.
- [45] GAO Z Y, HAN M K, HU Y Y, et al. Effects of continuous cropping of sweet potato on the fungal community structure in rhizospheric soil[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2019, 10: 2269.
- [46] 梁嘉平.施用生物炭对南疆膜下滴灌土壤性质及棉花和甜菜生长的影响[D]. 杨凌:西北农林科技大学, 2021.
- [47] ZHAO X, WU P, GAO X, et al. Soil quality indicators in relation to land use and topography in a small catchment on the Loess Plateau of China[J]. *Land Degradation & Development*, 2015, 26(1): 54-61.
- [48] 潘博,段良霞,张凤,等.红壤剖面土壤养分对土地利用变化

- 响应的敏感性[J]. 生态学杂志, 2018, 37(9): 2707-2716.
- [49] 马海燕, 徐瑾, 郑成淑, 等. 非洲菊连作对土壤理化性状与生物性状的影响[J]. 中国农业科学, 2011, 44(18): 3733-3740.
- [50] 李秀玲, 吕光辉, 何雪芬. 连作年限对土壤理化性质及酶活性的影响[J]. 干旱区资源与环境, 2012, 26(9): 93-97.
- [51] 吴昊, 芮蕊, 王澍. 星油藤不同种植年限对土壤理化性质及酶活性的影响[J]. 黑龙江农业科学, 2021(9): 40-43.
- [52] HILL A R. Nitrate and chloride distribution and balance under continuous potato cropping[J]. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 1986, 15(4): 267-280.
- [53] REEVES D W. The role of soil organic matter in maintaining soil quality in continuous cropping systems[J]. *Soil and Tillage Research*, 1997, 43(1/2): 131-167.
- [54] LARKIN R P. Characterization of soil microbial communities under different potato cropping systems by microbial population dynamics, substrate utilization, and fatty acid profiles[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2003, 35(11): 1451-1466.
- [55] 谢良商. 标记硫酸铵和元素硫在稻田土壤中的转化[J]. 中国农业科学, 1995, 28(6): 58-67.
- [56] 王凡, 朱云集, 路玲. 土壤中的硫素及其转化研究综述[J]. 中国农学通报, 2007, 23(5): 249-253.
- [57] 杜小平, 刘广平, 蒲鹏, 等. 硫酸根硫和单质硫对青菜硫素营养的影响[J]. 核农学报, 2020, 34(3): 635-641.
- [58] PARADELO R, VIRTO I, CHENU C. Net effect of liming on soil organic carbon stocks: a review[J]. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 2015, 202: 98-107.
- [59] 黄尚书, 叶川, 钟义军, 等. 不同土地利用方式对红壤坡地土壤阳离子交换量及交换性盐基离子的影响[J]. 土壤与作物, 2016, 5(2): 72-77.
- [60] 郝尚妍, 周嵘, 徐宸, 等. 重庆渝东北植烟区土壤交换性钙镁与土壤属性的关联特性研究[J]. 土壤, 2023, 55(2): 288-294.
- [61] 于天一, 王春晓, 路亚, 等. 不同改良剂对酸化土壤花生钙素吸收利用及生长发育的影响[J]. 核农学报, 2018, 32(8): 1619-1626.
- [62] YAO L H, YU X Y, HUANG L, et al. Responses of *Phaseolus calcaratus* to lime and biochar application in an acid soil[J]. *PeerJ*, 2019, 7: e6346.

Effects of Different Cultivation Measures on Soil Characteristics and Yield of Sacha Inchi

ZHANG Jialin^{1,2}, FU Qiangtang¹, LIU Changan¹

(1. Xishuangbanna Tropical Botanical Garden, Chinese Academy of Sciences / Key Laboratory of Sustainable Use of Tropical Plant Resources, Mengla 666303, China; 2. University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China)

Abstract: In order to find out the methods that can effectively prevent and reduce the root and stem rot of Sacha inchi and improve its yield, five cultivation measures were set up from the soil environment, including S1 (only planting Sacha inchi, control treatment), S2 (intercropping of Sacha inchi and soybean), S3 (lime disinfection and sterilization treatment in planting hole and topsoil), S4 (sulfur fertilizer application treatment) and S5 (film covering treatment). The effects of different cultivation modes on the composition and diversity of soil microbial community in the diseased root of Sacha inchi, the soil characteristics of Sacha inchi planting and the yield of Sacha inchi were discussed. The results showed that (1) the occurrence of Sacha inchi root and stem rot disease changed the diversity and richness of soil bacterial and fungal communities, and the relative abundance of dominant bacterial phyla (Proteobacteria, Bacteroidetes, and Actinobacteria) in the rhizosphere soil of diseased plants was higher than that in normal non-rhizosphere soil under different cultivation treatments; (2) From August 2021 to January 2023, S3 treatment increased the content and pH of soil exchangeable calcium and magnesium, while reducing the content of soil exchangeable aluminum; (3) After the experimental period, the yields of Sacha inchi treated with S1, S2, S3, S4, and S5 were 4 070.9, 4 938.3, 6 065.4, 4 220.2, and 4 985.2 kg·ha⁻¹, respectively. Compared with the S1 control treatment, the total yield of the S3 planting hole lime disinfection and sterilization treatment increased by 48.99%. Finally, it was concluded that the structural composition and α diversity of soil microbial community would be affected after the occurrence of stem and root rot disease of Sacha inchi. Among them, the α diversity of soil bacteria was the highest in the soil of diseased plant root and normal non-rooted soil in S3 treatment across all conditions, while the α diversity of soil fungi was the highest in the soil of diseased plant root in S3 treatment; With the increase of planting years, the planting hole lime disinfection and sterilization cultivation mode can significantly increase the soil pH, the content of exchangeable calcium and magnesium in the soil, reduce the content of exchangeable aluminum in the soil, and can significantly increase the yield of Sacha inchi, which is a suitable cultivation mode for Sacha inchi.

Keywords: Sacha inchi; root and stem rot; cultivation measures; soil microorganisms; soil nutrients; yield