



## 生物炭对青枯病烟株的根际土壤微生物群落结构调控机制分析

冯慧琳, 付兵, 任天宝, 杜君, 徐辰生, 曾强, 徐茜, 刘国顺

### 引用本文:

冯慧琳, 付兵, 任天宝, 等. 生物炭对青枯病烟株的根际土壤微生物群落结构调控机制分析[J]. 农业资源与环境学报, 2022, 39(1): 173–181.

在线阅读 View online: <https://doi.org/10.13254/j.jare.2021.0018>

## 您可能感兴趣的其他文章

Articles you may be interested in

### 减肥条件下生物质炭施用对水稻田土壤细菌多样性的影响

陈重军, 凌学林, 邢龙, 冯健, 吴羽希, 范静, 孙远博, 廖方新

农业资源与环境学报. 2021, 38(3): 385–392 <https://doi.org/10.13254/j.jare.2020.0327>

### 硒对油菜根际土壤微生物的影响

程勤, 胡承孝, 明佳佳, 蔡苗苗, 刘康, 汤艳妮, 赵小虎

农业资源与环境学报. 2021, 38(1): 104–110 <https://doi.org/10.13254/j.jare.2020.0061>

### 3种改良剂对连作川党参生长及土壤生化性质的影响

周武先, 刘翠君, 何银生, 吴海棠, 段媛媛, 魏海英, 艾伦强, 张美德

农业资源与环境学报. 2021, 38(1): 43–52 <https://doi.org/10.13254/j.jare.2020.0201>

### 3种耐盐植物对滨海盐土化学性质及微生物群落结构的影响

刘雅辉, 孙建平, 马佳, 姚玉涛, 吕晶晶, 张宏伟

农业资源与环境学报. 2021, 38(1): 28–35 <https://doi.org/10.13254/j.jare.2020.0049>

### 土壤微生物敏感菌及信号调节途径对邻苯二甲酸二甲酯的响应

王春龙, 王志刚, 由义敏, 吕智航, 刘泽平, 陈文晶, 史一然

农业资源与环境学报. 2018, 35(3): 215–221 <https://doi.org/10.13254/j.jare.2017.0325>



关注微信公众号, 获得更多资讯信息

冯慧琳, 付兵, 任天宝, 等. 生物炭对青枯病烟株的根际土壤微生物群落结构调控机制分析[J]. 农业资源与环境学报, 2022, 39(1): 173–181.

FENG H L, FU B, REN T B, et al. Analysis and mechanism of biochar on soil microbial community structure of tobacco bacterial wilt[J]. *Journal of Agricultural Resources and Environment*, 2022, 39(1): 173–181.



开放科学 OSID

## 生物炭对青枯病烟株的根际土壤微生物群落结构调控机制分析

冯慧琳<sup>1,2</sup>, 付兵<sup>3</sup>, 任天宝<sup>1,2\*</sup>, 杜君<sup>4</sup>, 徐辰生<sup>3</sup>, 曾强<sup>3</sup>, 徐茜<sup>3\*</sup>, 刘国顺<sup>1,2</sup>

(1. 河南农业大学烟草学院/河南省生物炭研究工程技术中心, 郑州 450002; 2. 生物炭技术河南省工程实验室, 郑州 450002; 3. 福建省烟草公司南平市公司, 福建 南平 353000; 4. 河南农业科学院植物营养与资源环境研究所, 郑州 450002)

**摘要:**烟草青枯病是一种细菌性病害,对烟株生长危害严重,为探究烟株发病后土壤微生物群落结构变化及其生物学调控机制,采用大田试验方法,设置ZCTR(常规施肥,健康烟株的根际土壤)、ZCSW(施加 $1.2\text{ t}\cdot\text{hm}^{-2}$ 生物炭,健康烟株的根际土壤)、QKTR(常规施肥,青枯病烟株的根际土壤)和QKSW(施加 $1.2\text{ t}\cdot\text{hm}^{-2}$ 生物炭,青枯病烟株的根际土壤)4个处理,研究细菌群落结构的差异。结果表明,生物炭施用后细菌 $\alpha$ 多样性升高,但差异不显著,细菌群落丰富度和菌群结构均有所改变。相同施肥条件下,青枯病烟株的根际土壤细菌 $\alpha$ 多样性和群落丰富度均小于健康烟株根际土壤;未添加生物炭的青枯病烟株根际土壤与健康烟株根际土壤相比,芽单胞菌门、酸杆菌门的丰度增加0.26、1.27个百分点,变形菌门、放线菌门的丰度降低1.08、0.14个百分点。施用生物炭后烟株的株高、叶长、叶宽、茎围分别较未添加生物炭处理增加了11.83%、16.88%、6.70%、10.80%,同时降低了烟株的病害指数,施加生物炭处理青枯病的发病率较未施加生物炭处理低9.1个百分点。研究表明,生物炭的施用会缓解青枯病带来的细菌丰富度下降,减少致病性细菌门类的相对丰度,并驱动功能促生性细菌(芽单胞菌门)相对丰度增加,从而降低青枯病发病率。研究初步明确了生物炭对植烟土壤青枯病微生态调控的作用机制。

**关键词:**土壤;根际;细菌群落;生物炭;青枯病;微生物调控

中图分类号:S435.72

文献标志码:A

文章编号:2095-6819(2022)01-0173-09

doi: 10.13254/j.jare.2021.0018

### Analysis and mechanism of biochar on soil microbial community structure of tobacco bacterial wilt

FENG Huilin<sup>1,2</sup>, FU Bing<sup>3</sup>, REN Tianbao<sup>1,2\*</sup>, DU Jun<sup>4</sup>, XU Chensheng<sup>3</sup>, ZENG Qiang<sup>3</sup>, XU Qian<sup>3\*</sup>, LIU Guoshun<sup>1,2</sup>

(1. Tobacco College of Henan Agricultural University/Henan Biochar Engineering Research Center, Zhengzhou 450002, China; 2. Henan Biochar Technology Engineering Laboratory, Zhengzhou 450002, China; 3. Nanping City Tobacco Company of Fujian Province, Nanping 353000, China; 4. Institute of Plant Nutrition, Resources and Environment, Henan Academy of Agricultural Sciences, Zhengzhou 450002, China)

**Abstract:** As tobacco bacterial wilt is a bacterial disease that is increasingly harmful to tobacco plants' growth, it is of great significance to explore the changes in the soil microbial community structure and its biological regulation mechanism after tobacco plant suffers from bacterial wilt. Field experiments were conducted to investigate the differences of bacterial community structure among four treatments: ZCTR (conventional fertilization, rhizosphere soil of healthy tobacco plants), ZCSW (application of  $1.2\text{ t}\cdot\text{hm}^{-2}$  biochar, rhizosphere soil of healthy tobacco plants), QKTR (conventional fertilization, rhizosphere soil of bacterial wilt tobacco plants), and QKSW (application of  $1.2$

收稿日期: 2021-01-08 录用日期: 2021-03-22

作者简介: 冯慧琳(1997—),女,福建南平人,硕士研究生,主要从事烟草栽培研究。E-mail: 2463977335@qq.com

\*通信作者: 任天宝 E-mail: tianbao1016@126.com; 徐茜 E-mail: 1046548297@qq.com

基金项目: 国家重点研发计划课题(2017YFD0200808);福建省烟草公司科技项目(NYK2017-02);河南青年骨干教师项目(2020GGJS047)

**Project supported:** National Key Research and Development Projects (2017YFD0200808); Science and Technology Project of Fujian Tobacco Company (NYK2017-02); Henan Young Backbone Teachers Project (2020GGJS047)

t·hm<sup>-2</sup> biochar, rhizosphere soil of bacterial wilt tobacco plants). After the biochar application, the bacteria's  $\alpha$  diversity increased, albeit without a significant difference. The bacterial community richness and structure changed. Under the same fertilization conditions, the bacterial  $\alpha$  diversity and community abundance of bacterial wilt tobacco plants in the rhizosphere soil were less than those of healthy soil. The bacterial  $\alpha$  diversity and community richness of the rhizosphere soil of diseased tobacco plants without biochar were higher than that of healthy tobacco plants, the abundance of Gemmatimonadetes and Acidobacteria increased by 0.26 and 1.27 percent points, while the abundance of Proteobacteria and Actinobacteria decreased by 1.08 and 0.14 percent points. Compared with no biochar treatment, the plant height, leaf length, leaf width and stem girth of the biochar application treatment increased by 11.83%, 16.88%, 6.70% and 10.80%, respectively, and the disease index decreased. The incidence rate of the bacterial wilt was reduced by 9.1 percent points with the biochar application treatment compared with the no biochar treatment. Studies have shown that biochar application can alleviate the decline in bacterial abundance caused by bacterial wilt, reduce the relative abundance of pathogenic bacteria, and drive the increase in the relative abundance of functional growth-promoting bacteria (Gemmatimonadetes). This reduces the incidence of bacterial wilt and preliminarily clarifies the biochar's mechanism on the micro-ecological regulation of bacterial wilt in tobacco-growing soil.

**Keywords:** soil; rhizosphere; bacterial community; biochar; bacterial wilt; micro-ecological regulation

近年来土壤健康问题越来越受到人们的重视,不健康的土壤会导致土传病害的发生,对植物造成危害。有学者研究发现土壤健康依赖于土壤微生物的功能多样性<sup>[1-2]</sup>,土壤微生物能够调控土壤微生态平衡,有助于维持土壤健康<sup>[3-4]</sup>。植物根系与土壤微生物接触的部分存在一个微域<sup>[5]</sup>,在这个微域环境中,土壤微生物能够利用植物的残体分解物及根系分泌物产生碳、氮以保证自身正常的生命活动<sup>[6-7]</sup>,同时也能够分解土壤中的有机物质释放出养分来供给植物,保证植物的健康生长。微生物与植物互惠共存的关系有利于土壤微生态系统的平衡,从而促进土壤健康<sup>[8-9]</sup>。

微生物群落的结构、功能及其与宿主相关依赖和相互制约形成的复杂系统称为微生态系统,微生态平衡是一个生命体健康的基本前提<sup>[10]</sup>。丁伟等<sup>[11]</sup>指出植物病害的发生可以理解为植物的微生态失去了平衡。因此烟草患上青枯病即病原菌突破了各种屏障,进入烟株的根际部位,在烟株中大量繁殖,打破了烟株根际的微生态平衡,危害烟株的生长发育,这给烟农带来了严重的经济损失,对烟草来说是一种毁灭性的病害<sup>[12-13]</sup>。BONILLA等<sup>[14]</sup>的研究表明土壤微生物群落结构与植物抗病性有关,微生物群落结构好,抗病性强。施河丽等<sup>[15]</sup>研究发现与健康烟株根际土壤相比,青枯病烟株的土壤养分含量较低,土壤pH值较高,土壤微生物多样性、有益菌的丰度也相对较低。张明宇等<sup>[16]</sup>的研究表明有机肥能够缓解青枯病的病害程度,其主要通过提升土壤微生物多样性、改善土壤微生态来实现。林书震<sup>[17]</sup>的研究发现烟草病害的发生会带来微生物多样性的下降和丰富度的减少。

蔡燕飞等<sup>[18]</sup>的研究发现有机肥的施用有利于土壤有益菌的繁殖,减少植物病害。韦中等<sup>[19]</sup>的研究发现菌株RC-14能通过菜粕有机肥中的某些营养物质产生大量拮抗物质,这些物质能够抑制番茄根际青枯菌的生长,降低青枯病发病率。

近年来,大量的研究表明通过改变施肥方法、调控土壤微生态平衡可抑制病原菌的繁殖,控制土传病害的发生<sup>[20-21]</sup>。研究表明生物炭能够调节土壤微生态环境<sup>[22-24]</sup>。基于此,本研究比较了不同施肥条件下青枯病烟株与健康烟株根际土壤细菌群落结构的差异,明确生物炭对根际土壤微生态的调控机制,为利用生物炭调控根际土壤微生态环境、促进土壤健康、防控烟草青枯病奠定基础。

## 1 材料与方法

### 1.1 研究地点

试验于2019年2月—10月在福建省邵武市沿山镇进行,供试的烟草品种为K326,供试土壤类型为水稻土,其基本理化性质:有机质含量为18.63 g·kg<sup>-1</sup>,速效钾含量为122.55 mg·kg<sup>-1</sup>,有效磷含量为21.24 mg·kg<sup>-1</sup>,全氮含量为0.18 g·kg<sup>-1</sup>,pH值为6.29。本试验所使用的生物炭由河南省生物炭工程技术研究中心提供,该生物炭以花生壳为原料,经380~400℃低氧条件下连续炭化制成,生物炭的基本理化性质如表1所示。

### 1.2 试验设计

试验共设置2个处理:CK(常规施肥)和T1(施用1.2 t·hm<sup>-2</sup>生物炭+常规施肥),当烤烟进入成熟期后,烟田逐渐出现青枯病,因此开始进行青枯病烟株根际

表1 供试生物炭理化性质  
Table 1 Physicochemical property of the biochar

| 生物炭粒径<br>Biochar size | pH   | C/%   | N/%  | S/%  | 碳氮比<br>C/N | 比表面积<br>Specific surface area/(m <sup>2</sup> ·g <sup>-1</sup> ) | 容重<br>Bulk density/(g·cm <sup>-3</sup> ) | 孔径<br>Aperture /nm |
|-----------------------|------|-------|------|------|------------|------------------------------------------------------------------|------------------------------------------|--------------------|
| 100~2 000 μm          | 9.16 | 52.41 | 2.31 | 0.09 | 22.68      | 16.72                                                            | 0.22                                     | 3.15               |

土壤微生物多样性研究。青枯病烟株根际土壤微生物多样性研究设4个处理:ZCTR(常规施肥健康烟株的根际土壤)、QKTR(常规施肥青枯病烟株的根际土壤)、ZCSW(施加1.2 t·hm<sup>-2</sup>生物炭的健康烟株的根际土壤)、QKSW(施加1.2 t·hm<sup>-2</sup>生物炭的青枯病烟株的根际土壤),ZCTR、QKTR两个处理于CK小区取样,ZCSW、QKSW两个处理于T1小区取样。

CK、T1处理均常规施肥:烟草专用肥用量为525 kg·hm<sup>-2</sup>(N 12.5%、P<sub>2</sub>O<sub>5</sub> 8%、K<sub>2</sub>O 22.5%),芝麻饼肥用量为675 kg·hm<sup>-2</sup>(N 5.8%、K<sub>2</sub>O 1.3%),硫酸钾用量为301 kg·hm<sup>-2</sup>,氢氧化镁用量为185.5 kg·hm<sup>-2</sup>,钙镁磷肥用量为457 kg·hm<sup>-2</sup>,硝酸钾用量为347 kg·hm<sup>-2</sup>,氮磷钾比例为1:0.78:2.87。

### 1.3 土壤微生物取样及检测

在烟草移栽75 d时,用铲子将烟株周围10 cm的土壤挖至30 cm的深度,切割土壤中烟株的任何侧根,挖出烟株整个根部。将根球放入盆中,摇动根部,用铲子从根部去除土壤,将采集盆中无碎块的土壤5~10 g除去杂质,混匀过2 mm筛,保存在10 mL无菌离心管中,放入干冰中送至上海欧易生物科技有限公司进行土壤微生物多样性检测。检测方法参照文献[25],土壤DNA提取和PCR扩增均采用试剂盒,细菌16S rRNA用338F(5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCAG-3')和806R(5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3')引物对V3~V4可变区进行PCR扩增,扩增的程序为:95℃预变性3 min,27个循环(95℃变性30 s,55℃退火30 s,72℃延伸30 s),最后72℃延伸10 min(PCR仪:ABI GeneAmp® 9700型)。扩增体系为20 μL,4 μL 5×FastPfu缓冲液,2 μL 2.5 mmol·L<sup>-1</sup> dNTPs,0.8 μL引物(5 μmol·L<sup>-1</sup>),0.4 μL FastPfu聚合酶;10 ng DNA模板。利用欧易生物科技有限公司平台进行测序,测序的Coverage指数均大于0.94,表明试验样本的测序覆盖度均在94%以上,样品的测序深度能够满足后续的数据分析。

### 1.4 烟株生长发育及病害情况

在烟草移栽75 d时,记录各个小区的烟株农艺性状。从青枯病发生的时间开始调查并记录实验小区发病的株数以及发病烟株的病情程度(烟草青枯病的

发病率=发病株数/调查总株数×100%)<sup>[19]</sup>。

### 1.5 数据分析

采用DPS 7.0软件分析处理数据,用R软件的Vegan包绘制热图,主成分分析采用SPSS 11.0软件。

## 2 结果与分析

### 2.1 样本的测序结果

本试验样品检测到的OTUs总数为11 011。如图1所示,所有样本共有的OUTs总数为706,常规施肥下健康烟株的根际土壤与青枯病烟株的根际土壤2个处理共有的OTUs总数为1 087,施加1.2 t·hm<sup>-2</sup>生物炭后健康烟株的根际土壤与青枯病烟株的根际土壤2个处理共有的OTUs总数为1 198,各个处理本身特有的OUTs总数分别为2268(ZCTR)、2 508(ZCSW)、2 320(QKTR)、2 336(QKSW)。总的来看,施加生物炭后健康烟株的根际土壤与青枯病烟株的根际土壤所共有的OTUs总数比常规施肥多。

### 2.2 土壤细菌群落的α多样性

由表2可知,4个处理的Shannon指数和Chao1指数大小均表现为QKTR<ZCTR<QKSW<ZCSW, Simpson指数反之,说明无论烟株是否染病,生物炭施用均能提升根际土壤细菌α多样性和群落丰富度;从细菌α多样性来看,虽然各个处理无显著差异,但是在数值上还是出现了差距,在施肥相同的条件下青枯病烟株的根际土壤细菌α多样性均小于正常烟株根际土壤。从细菌群落的丰富度来看,ZCSW处理的Chao1指数

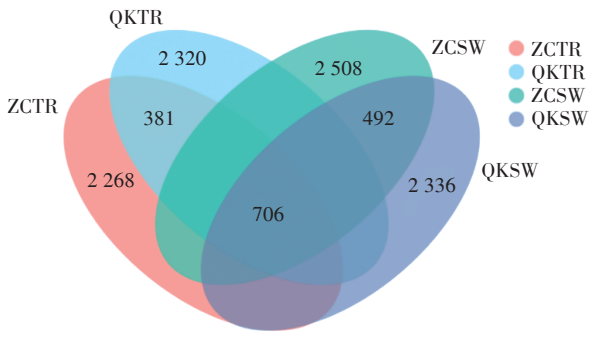


图1 各个处理细菌群落OTUs数

Figure 1 The number of OTUs in bacterial community of each treatment



显著大于其他处理,说明施加生物炭的健康烟株根际土壤细菌群落丰富度最大。同等施肥条件下,健康烟株的根际土壤 Chao1 指数均显著大于青枯病烟株的根际土壤 Chao1 指数。

### 2.3 土壤细菌群落结构

如图2所示,对于变形菌门(Proteobacteria)来说,ZCTR 处理的相对丰度相较于 QKTR、ZCSW 处理明显提高了 1.07、3.59 个百分点,QKSW 处理的相对丰度相较于 ZCSW 处理提高了 2.60 个百分点;酸杆菌门(Acidobacteria)的相对丰度大小表现为 QKTR>ZCTR>ZCSW>QKSW, QKTR 处理的相对丰度比 ZCTR、QKSW 处理明显提高了 1.27、3.48 个百分点,QKSW 处理的相对丰度比 ZCSW 处理明显减少了 0.83 个百分点;各个处理放线菌门(Actinobacteria)的相对丰度大小表现为 ZCTR>QKTR>QKSW>ZCSW, ZCTR 处理的相对丰度相较于 QKTR、ZCSW、QKSW 处理分别提高了 0.14、2.84、2.51 个百分点;芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)的相对丰度在 ZCTR 处理最低,

ZCSW 处理最高,ZCSW 的相对丰度较 ZCTR 处理明显提高了 5.27 个百分点,且 QKSW 处理较 QKTR 处理也提高了 4.15 个百分点。

Heatmap 分析将样本按丰度的相似性进行分别聚合,用颜色的变化来表示土壤细菌种群之间的关系,红色(正值)越深代表相对丰度越高,说明土壤细菌生长受到的促进作用越强,蓝色(负值)越深代表相对丰度越低,说明土壤细菌生长受到的抑制作用越强。由图3可以看出,QKTR3 处理有利于蓝细菌(Cyanobacteria)、放线菌门(Actinobacteria)的生长,不利于迷踪菌门(Elusimicrobia)的生长;ZCTR3 处理有利于厚壁菌门(Firmicutes)、WCHB1\_60 的生长;QKSW3 处理不利于绿弯菌门(Chloroflexi)的繁殖;ZCSW2 处理不利于变形菌门(Proteobacteria)的繁殖。

### 2.4 根际土壤细菌群落主成分

如图4a所示,ZCSW、QKSW、ZCTR、QKTR 处理各样本点在 PC2 轴上依次排开,且距离呈现先增大后减少再增大的趋势,说明施用生物炭对土壤微生物细菌群落结构有明显的影。由箱形图(图4b)可以看出,在 PC1 轴上 ZCSW、QKSW 两个生物炭处理之间的距离较近,且均与 QKTR、ZCTR 两个未施生物炭处理之间相距较远,说明生物炭施用改变了土壤微生物群落结构;QKTR、ZCTR 箱形长度较短说明组内生物重复性好,ZCSW、QKSW 箱形长度较长说明组内重复较差。

### 2.5 根际土壤细菌群落 LEfSe 分析

利用 LEfSe 差异分析筛选出四种土壤中具有显著差异的微生物(LDA 阈值为 2)。由图5可知,未添加生

表2 土壤细菌群落的 $\alpha$ 多样性

Table 2 The  $\alpha$  diversity of soil bacterial community

| 处理<br>Treatment | Simpson                | Shannon            | Chao1                  |
|-----------------|------------------------|--------------------|------------------------|
| ZCTR            | 0.996 5 $\pm$ 0.001 2a | 9.537 $\pm$ 0.556a | 4 455.00 $\pm$ 85.94b  |
| QKTR            | 0.997 2 $\pm$ 0.000 4a | 9.436 $\pm$ 0.541a | 3 607.00 $\pm$ 180.90c |
| ZCSW            | 0.994 5 $\pm$ 0.003 1a | 9.922 $\pm$ 0.188a | 4 784.00 $\pm$ 60.41a  |
| QKSW            | 0.995 4 $\pm$ 0.002 6a | 9.806 $\pm$ 0.216a | 4 524.00 $\pm$ 153.90b |

注:同列不同小写字母表示处理间差异显著( $P<0.05$ )。下同。

Notes: Different letters in a column indicate significant difference among treatments ( $P<0.05$ ). The same below.

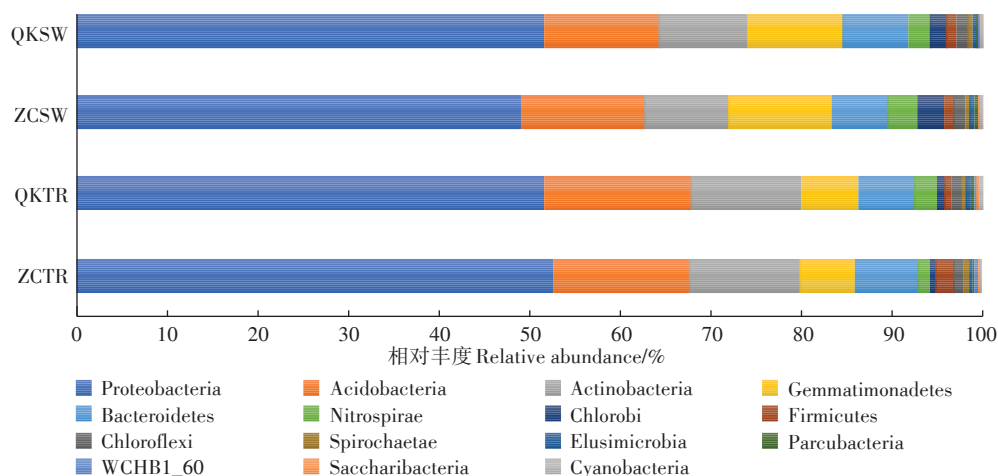


图2 根际土壤细菌群落在门水平上的组成

Figure 2 Composition of bacterial community in rhizosphere soil at phylum level

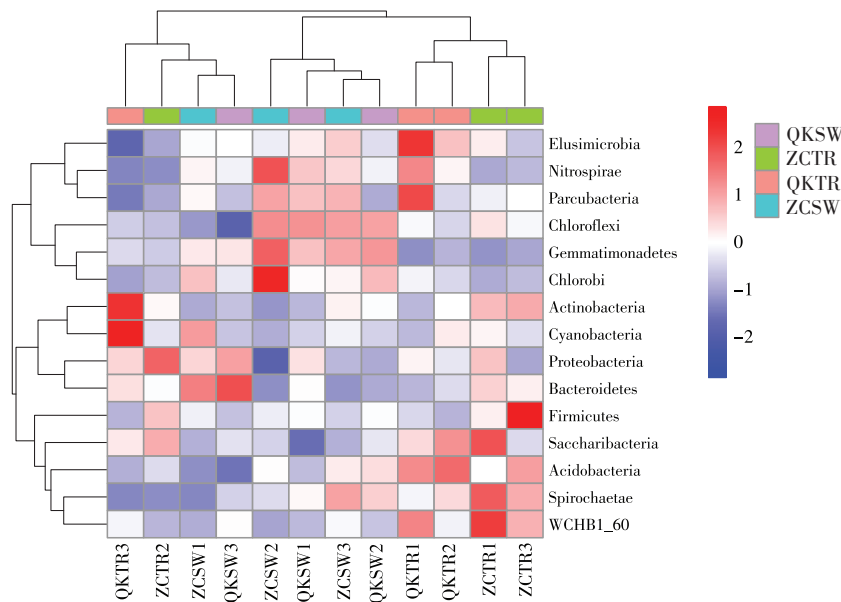


图3 门水平上最大丰度排名前15的物种热图

Figure 3 Heatmap of the top 15 species with the highest abundance at the phylum level

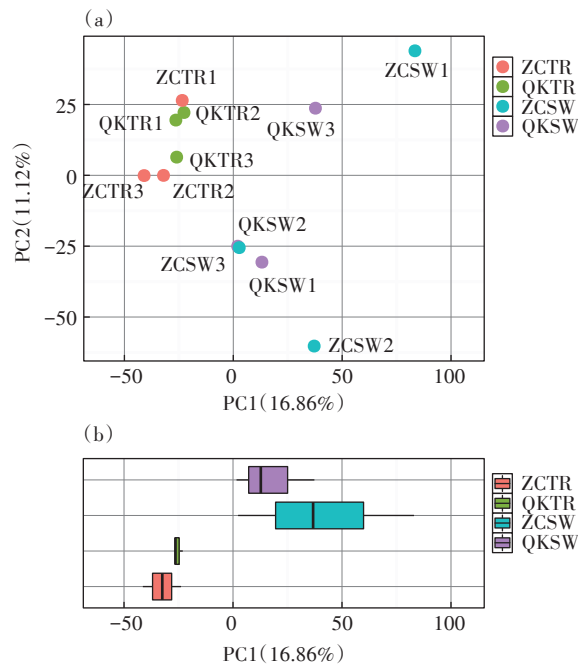


图4 根际土壤细菌群落主成分分析图

Figure 4 Principal component analysis of bacterial community in rhizosphere soil

物炭的健康烟株根际土壤(ZCTR)样本中,Perluclidibaca、Acidibacter、厚壁菌门(Firmicutes)显著富集;添加生物炭的健康烟株根际土壤(ZCSW)样本中,芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)、Ignavibacteriales、绿弯菌门(Chloroflexi)显著富集;未添加生物炭的青枯病烟株的根际土壤(QKTR)样本中,放线菌门(Actinobacte-

ria)、伯克氏菌目(Burkholderiales)显著富集;添加生物炭的青枯病烟株的根际土壤(QKSW)样本中,肠杆菌科(Enterobacteriaceae)、肠杆菌目(Enterobacteriales)、鞘氨醇杆菌科(Sphingobacteriaceae)显著富集。

2.6 生物炭对烟株生长发育的影响

由表3可知,在烟株成熟期时,施用生物炭有利于烟株的生长发育,并减少染病烟株的数量。施用生物炭后烟株的株高、叶长、叶宽、茎围分别较CK处理增加了11.83%、16.88%、6.70%、10.80%。T1处理青枯病的发病率也比CK处理降低了9.1个百分点。

3 讨论

3.1 健康烟株与青枯病烟株根际土壤的微生物差异

土壤微生物生态系统的物种多样性指数反映了微生物种群结构的复杂程度。有研究表明,微生物多样性指数越高,微生物生态系统的结构越复杂,稳定性越高<sup>[26]</sup>。本研究发现对于常规施肥的土壤来说,青枯病烟株的根际土壤细菌α多样性和丰富度比健康烟株根际土壤低,与施河丽等<sup>[15]</sup>的研究结果一致。土壤微生物多样性的降低说明根际土壤微生物生态系统的平衡受到破坏,这是土传病害发生的重要原因之一<sup>[27]</sup>。由物种组成丰度图(图2)可以看出,健康烟株与青枯病烟株根际土壤细菌门类组成基本一致,变形菌门(Proteobacteria)、酸杆菌门(Acidobacteria)和放线菌门(Actinobacteria)是土壤中的优势菌门,这与张超等<sup>[28]</sup>研究

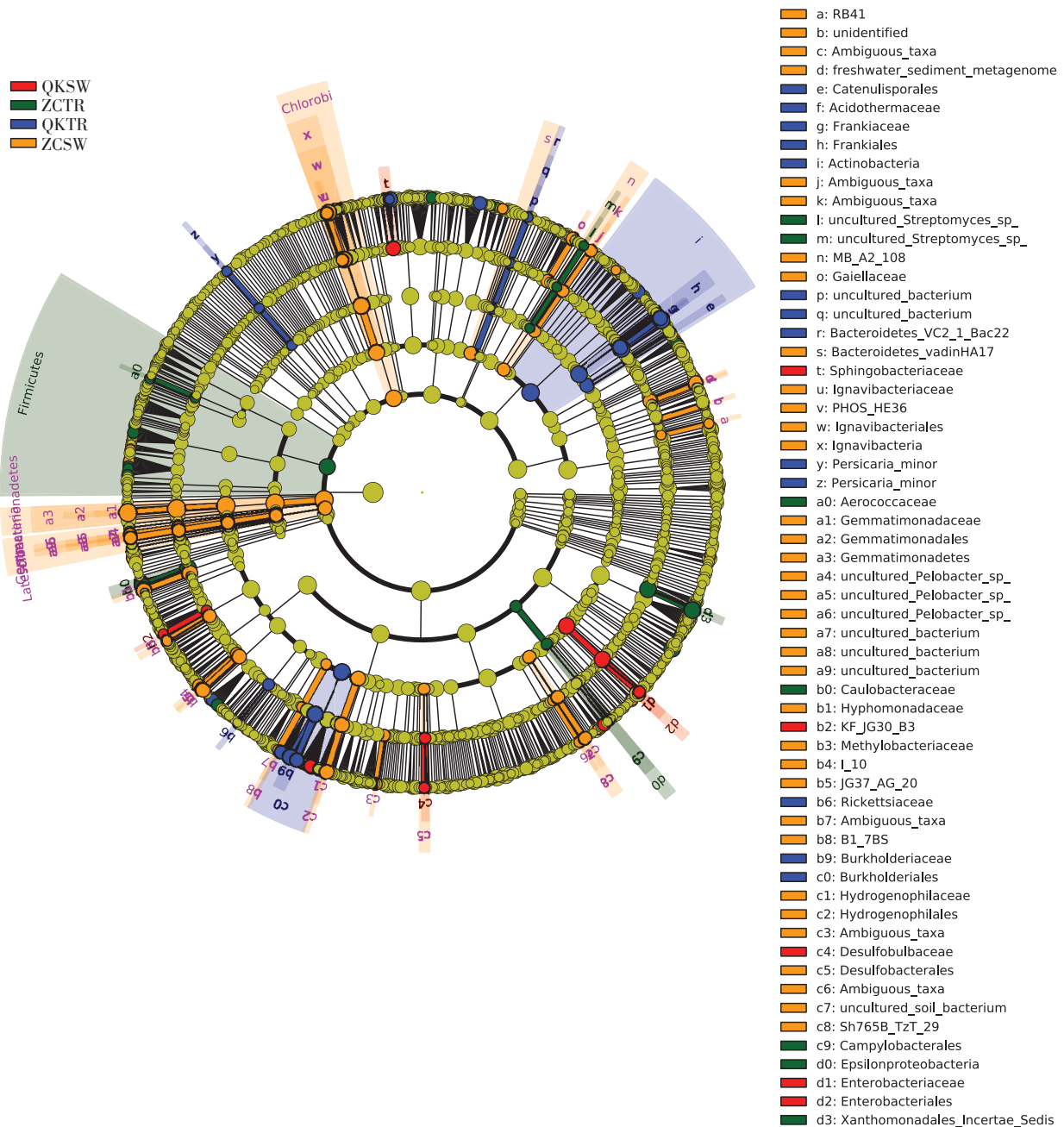


图5 根际土壤细菌群落 LEfSe 分析

Figure 5 LEfSe analysis of bacterial community in rhizosphere soil

表3 生物炭对烟株生长发育的影响

Table 3 Effects of biochar on tobacco growth and development

| 处理 Treatment | 株高 Plant height/cm | 叶长 Leaf length/cm | 叶宽 Leaf width/cm | 茎围 Stem girth/cm | 发病率 Incidence rate/% |
|--------------|--------------------|-------------------|------------------|------------------|----------------------|
| CK           | 73.63±1.18b        | 58.12±1.79b       | 24.66±0.51a      | 2.87±0.09a       | 12.1                 |
| T1           | 82.34±2.04a        | 67.93±1.32a       | 26.31±1.05a      | 3.18±0.13a       | 3.0                  |

结果一致。由 Heatmap 分析结果可知,蓝细菌(Cyanobacteria)、放线菌门(Actinobacteria)、迷踪菌门(Elusimicrobia)的生长在 QKTR 处理中受到明显抑

制,说明生物炭能够减少与病害根际土壤相关细菌门类的相对丰度,使土壤微生态环境向健康的方向发展。

### 3.2 生物炭对青枯病烟株根际土壤的微生态防治机理

大量研究表明,施用生物炭具有改良土壤、保持土壤水分及养分的效果,已经成为调控土壤连作障碍和土壤健康管理的重要途径之一<sup>[29]</sup>。本研究通过比较不同施肥条件下健康烟株与青枯病烟株根际土壤微生物群落的差异,推测生物炭对青枯病烟株的根际土壤微生态防治机制,即生物炭施入后对土壤和烟株均产生正向影响:对于烟株来说,生物炭促进烟株生长发育,提升烟株自身免疫,降低了青枯病发病率<sup>[30]</sup>;对于土壤来说,生物炭提升了根际土壤细菌多样性,增加了细菌群落的丰富度,使土壤微生态系统向更加稳定健康的方向发展,减轻土壤病害的发生<sup>[31]</sup>。生物炭的施用能够使有益菌(如芽单胞菌门)显著富集,定向调控烟田的根际土壤微生态,丰富土壤生态系统的微生物多样性,有利于土壤生态系统的平衡,重建健康的土壤微生态系统,减轻或抑制烟草青枯病的发生<sup>[32]</sup>,其作用机制如图6所示。

## 4 结论

(1)烟草青枯病会降低土壤细菌多样性和丰富度,使土壤原有的有益菌数量减少,增加与青枯病相关的细菌的相对丰度,如厚壁菌门(Firmicutes)、

WCHB1\_60、绿弯菌门(Chloroflexi)和变形菌门(Proteobacteria)。

(2)生物炭有效改善根际土壤细菌的群落结构,提升细菌多样性,使根际土壤富集有利于土壤健康和植物健康的细菌,构建健康的土壤微生态系统,维持土壤微生态平衡,促进烟株健康发育的同时减少青枯病的发病率。

### 参考文献:

- [1] 王彩云,武春成,曹霞,等. 生物炭对温室黄瓜不同连作年限土壤养分和微生物群落多样性的影响[J]. 应用生态学报, 2019, 30(4): 284-291. WANG C Y, WU C C, CAO X, et al. Effects of biochar on soil nutrition and microbial community diversity under continuous cultivated cucumber soils in greenhouse[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2019, 30(4):284-291.
- [2] RICHTER A, SCHÖNING I, KAHL T, et al. Regional environmental conditions shape microbial community structure stronger than local forest management intensity[J]. *Forest Ecology and Management*, 2018, 409:250-259.
- [3] POKHAREL P, MA Z, CHANG S X. Biochar increases soil microbial biomass with changes in extra- and intracellular enzyme activities: A global meta-analysis[J]. *Biochar*, 2020, 2(1):65-79.
- [4] LIU C J, GONG X W, DANG K, et al. Linkages between nutrient ratio and the microbial community in rhizosphere soil following fertilizer management[J]. *Environmental Research*, 2020, 184:109261.

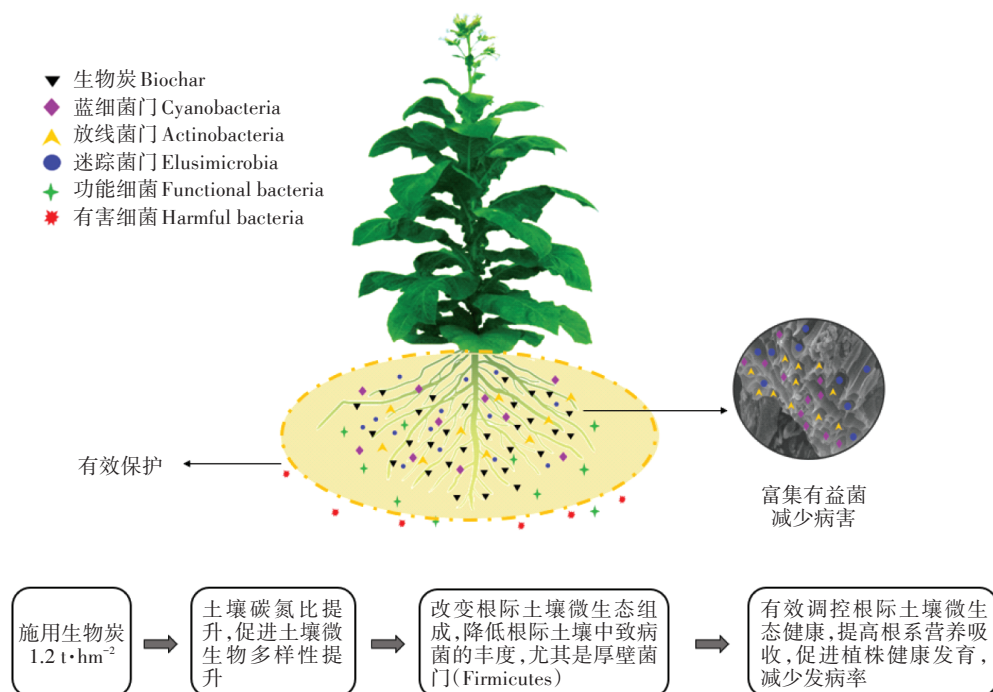


图6 生物炭对青枯病烟株的根际微生态防治机制

Figure 6 Soil microecological control mechanism of tobacco bacterial wilt by biochar



- [5] 葛少华, 阎海涛, 陈奇, 等. 生物质炭与化肥氮配施对植烟土壤微生物功能多样性的影响[J]. 土壤, 2019, 51(4): 708–714. GE S H, YAN H T, CHEN Q, et al. Effects of biochar combining with nitrogen fertilizer on functional diversity of microbial communities in tobacco-planting soil[J]. *Soils*, 2019, 51(4): 708–714.
- [6] WANG H H, REN T B, MÜLLER K, et al. Soil type regulates carbon and nitrogen stoichiometry and mineralization following biochar or nitrogen addition[J]. *Science of the Total Environment*, 2021, 753: 141645.
- [7] 朱菲莹, 张屹, 肖姬玲, 等. 生物有机肥对土壤微生物群落结构变化及西瓜枯萎病的调控[J]. 微生物学报, 2019, 59(12): 2323–2333. ZHU F Y, ZHANG Y, XIAO J L, et al. Regulation of soil microbial community structures and watermelon Fusarium wilt by using bio-organic fertilizer[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2019, 59(12): 2323–2333.
- [8] 朱永官, 彭静静, 韦中, 等. 土壤微生物组与土壤健康[J]. 中国科学: 生命科学, 2020, 51(1): 1–11. ZHU Y G, PENG J J, WEI Z, et al. Linking the soil microbiome to soil health[J]. *Scientia Sinica Vitae*, 2020, 51(1): 1–11.
- [9] 朱永官, 沈仁芳, 贺纪正, 等. 中国土壤微生物组: 进展与展望[J]. 中国科学院院刊, 2017, 32(6): 554–565. ZHU Y G, SHEN R F, HE J Z, et al. China soil microbiome initiative: Progress and perspective[J]. *Bulletin of Chinese Academy of Sciences*, 2017, 32(6): 554–565.
- [10] LIU X, JIANG Q, HU X, et al. Soil microbial carbon metabolism reveals a disease suppression pattern in continuous ginger mono-cropping fields[J]. *Applied Soil Ecology*, 2019, 144: 165–169.
- [11] 丁伟, 刘晓皎. 植物医学的新概念——生物屏障[J]. 植物医生, 2019, 32(1): 1–6. DING W, LIU X J. New concepts of plant medicine: Biological barrier[J]. *Plant Doctor*, 2019, 32(1): 1–6.
- [12] 陈乾锦, 林书震, 李红丽, 等. 邵武烟田土壤微生物群落结构变化与烟草青枯病发生关系初报[J]. 中国烟草学报, 2019, 25(4): 64–71. CHEN Q J, LIN S Z, LI H L, et al. A preliminary report on relationship between variation of microbial community structure in soil and occurrence of tobacco bacterial wilt in tobacco field in Shaowu[J]. *Acta Tabacaria Sinica*, 2019, 25(4): 64–71.
- [13] 谢鹏昊, 张超, 文涛, 等. 基于Web of Science文献计量分析的青枯病研究进展[J]. 中国农业大学学报, 2020, 25(11): 62–73. XIE P H, ZHANG C, WEN T, et al. Bibliometric analysis of bacterial wilt based on the literature from Web of Science[J]. *Journal of China Agricultural University*, 2020, 25(11): 62–73.
- [14] BONILLA N, GUTIÉRREZ-BARRANQUERO J A, VICENTE A D, et al. Enhancing soil quality and plant health through suppressive organic amendments[J]. *Diversity*, 2012, 4(4): 475–491.
- [15] 施河丽, 向必坤, 谭军, 等. 烟草青枯病发病烟株根际土壤细菌群落分析[J]. 中国烟草学报, 2018, 24(5): 57–65. SHI H L, XIANG B K, TAN J, et al. Analysis of bacterial community in rhizosphere soil of tobacco plant infected by bacterial wilt disease[J]. *Acta Tabacaria Sinica*, 2018, 24(5): 57–65.
- [16] 张明宇, 刘高峰, 李小龙, 等. 施用生物有机肥对烟草根际土壤微生物区系的影响[J]. 河南农业大学学报, 2020, 54(2): 317–325. ZHANG M Y, LIU G F, LI X L, et al. Effects of bio-organic fertilizer on the microflora in plant rhizosphere soil and bacterial wilt control of tobacco[J]. *Journal of Henan Agricultural University*, 2020, 54(2): 317–325.
- [17] 林书震. 烟田土壤微生物特征及与青枯病发生关系研究[D]. 郑州: 郑州大学, 2019: 26–28. LIN S Z. Study on characteristics of soil microorganism in tobacco field and its relationship with bacterial wilt[D]. Zhengzhou: Zhengzhou University, 2019: 26–28.
- [18] 蔡燕飞, 廖宗文, 章家恩, 等. 生态有机肥对番茄青枯病及土壤微生物多样性的影响[J]. 应用生态学报, 2003, 14(3): 349–353. CAI Y F, LIAO Z W, ZHANG J E, et al. Effect of ecological organic fertilizer on tomato bacterial wilt and soil microbial diversities[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2003, 14(3): 349–353.
- [19] 韦中, 胡洁, 董月, 等. 基于菜粕有机肥筛选番茄青枯病高效生防菌的研究[J]. 南京农业大学学报, 2015, 38(3): 424–430. WEI Z, HU J, DONG Y, et al. Screen of antagonists against *Ralstonia solanacearum* by using rapeseed cake compost as a selected medium[J]. *Journal of Nanjing Agricultural University*, 2015, 38(3): 424–430.
- [20] 张迎春, 颀建明, 李静, 等. 生物有机肥部分替代化肥对莴笋及土壤理化性质和微生物的影响[J]. 水土保持学报, 2019, 33(4): 196–205. ZHANG Y C, XIE J M, LI J, et al. Effects of partial substitution of chemical fertilizer by bio-organic fertilizer on asparagus lettuce and soil physical-chemical properties and microorganisms[J]. *Journal of Soil and Water Conservation*, 2019, 33(4): 196–205.
- [21] 谷益安. 土壤细菌群落和根系分泌物影响番茄青枯病发生的生物学机制[D]. 南京: 南京农业大学, 2017: 15–16. GU Y A. Biological mechanism for the effects of soil bacterial community and root exudates on bacterial wilt of tomato[D]. Nanjing: Nanjing Agricultural University, 2017: 15–16.
- [22] MICHAEL P S. Cogon grass biochar amendment and *Panicum coloratum* planting improve selected properties of sandy soil under humid lowland tropical climatic conditions[J]. *Biochar*, 2020, 2: 489–502.
- [23] YU L, YU M, LU X, et al. Combined application of biochar and nitrogen fertilizer benefits nitrogen retention in the rhizosphere of soybean by increasing microbial biomass but not altering microbial community structure[J]. *Science of the Total Environment*, 2018, 640/641: 1221–1230.
- [24] 刘遵奇, 兰宇, 杨铁鑫, 等. 减肥条件下生物炭施用方式对土壤肥力及酶活性的影响[J]. 农业资源与环境学报, 2020, 37(4): 544–551. LIU Z Q, LAN Y, YANG T X, et al. Effect of biochar application pattern on soil fertility and enzyme activity under limited fertilization conditions[J]. *Journal of Agricultural Resources and Environment*, 2020, 37(4): 544–551.
- [25] 冯慧琳, 徐辰生, 何欢辉, 等. 生物炭对土壤酶活和细菌群落的影响及其作用机制[J]. 环境科学, 2021, 42(1): 422–432. FENG H L, XU C S, HE H H, et al. Effect of biochar on soil enzyme activity & the bacterial community and its mechanism[J]. *Environmental Science*, 2021, 42(1): 422–432.
- [26] 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. HE J Z, LI J, ZHENG Y M. Thoughts on the microbial diversity-stability relationship in soil ecosystems[J]. *Biodiversity Science*, 2013, 21(4): 412–

421.

- [27] RUI W, ZHANG H C, SUN L G, et al. Microbial community composition is related to soil biological and chemical properties and bacterial wilt outbreak[J]. *Scientific Reports*, 2017, 7(1):343.
- [28] 张超, 朱三荣, 田峰, 等. 不同绿肥对湘西烟田土壤细菌群落结构与多样性的影响[J]. 贵州农业科学, 2016, 44(5):43-46. ZHANG C, ZHU S R, TIAN F, et al. Effects of different green manure on bacterial community structure and diversity in tobacco-planting field in Xiangxi[J]. *Guizhou Agricultural Sciences*, 2016, 44(5):43-46.
- [29] 王晶, 马丽娟, 龙泽华, 等. 秸秆炭化还田对滴灌棉田土壤微生物代谢功能及细菌群落组成的影响[J]. 环境科学, 2020, 41(1):420-429. WANG J, MA L J, LONG Z H, et al. Effects of straw carbonization on soil microbial metabolic function and bacterial community composition in drip irrigated cotton field[J]. *Environmental Science*, 2020, 41(1):420-429.
- [30] 张广雨, 胡志明, 褚德朋, 等. 生物炭对根际土壤微生态的调控及对烟草青枯病的防控作用[J]. 中国烟草学报, 2020, 26(6):81-88. ZHANG G Y, HU Z M, CHU D P, et al. Regulation of biochar on rhizosphere soil microecology and its control effect on tobacco bacterial wilt[J]. *Acta Tabacaria Sinica*, 2020, 26(6):81-88.
- [31] JAISWAL A K, ELAD Y, PAUDEL I, et al. Linking the belowground microbial composition, diversity and activity to soilborne disease suppression and growth promotion of tomato amended with biochar[J]. *Scientific Reports*, 2014, 7(1):44382.
- [32] 李成江, 李大肥, 周桂凤, 等. 不同种类生物炭对植烟土壤微生物及根茎病害发生的影响[J]. 作物学报, 2019, 45(2):289-296. LI C J, LI D F, ZHOU G S, et al. Effects of different types of biochar on soil microorganism and rhizome diseases occurrence of flue-cured tobacco[J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2019, 45(2):289-296.

