

高慧芳, 许佳音, 孟婷, 等. 太子参根际土壤微生物多样性及其与土壤主要理化因子的相关性 [J]. 福建农业学报, 2021, 36 (3): 345–357.
GAO H F, XU J Y, MENG T, et al. Microbial Diversity in Rhizosphere Soil of *Pseudostellaria heterophylla* and Its Correlation with Main Soil Physicochemical Factor [J]. *Fujian Journal of Agricultural Sciences*, 2021, 36 (3): 345–357.

太子参根际土壤微生物多样性及其与 土壤主要理化因子的相关性

高慧芳¹, 许佳音², 孟婷¹, 陈金绍³, 邱君志¹, 张重义⁴, 张燎原^{1*}

(1. 福建农林大学生命科学学院, 福建 福州 350002; 2. 厦门大学附属第一医院药剂科, 福建 厦门 361022;
3. 厦门中药厂有限公司, 福建 厦门 361002; 4. 福建农林大学农学院, 福建 福州 350002)

摘要:【目的】探究不同区域栽培太子参产生连作效应的潜在原因。【方法】采用高通量测序对柘荣县 5 个样地的太子参根际土壤进行微生物群落结构及多样性分析。【结果】土壤真菌的有效序列共 744 331 条, 聚类后获得 1 314 个真菌分类单元; 获得细菌 1 032 029 条有效序列, 聚类后获得 10 310 个细菌分类单元。5 个样地的共有 OTU 数明显多于每个样地特有的 OTU 数, 表明不同样地的太子参根际土壤微生物群落趋势大致相同。 α 多样性分析表明, 不同样地根际土壤微生物群落组成及丰度之间有明显差异, IV、II、I 样地的物种丰度较高, 而 V、III 样地的物种丰度较低。典范对应分析表明土壤化学性质和根系分泌物酚酸类物质影响太子参根际土壤微生物的群落分布。5 个样地中都鉴定到镰刀菌属等致病真菌, 且致病菌的含量与根际土壤其他微生物物种数呈反比, 暗示镰刀菌影响太子参根际土壤其他微生物物种数。【结论】太子参连作效应及其病害的成因很大程度上归因于其根系分泌物参与调控的根际微生物菌群结构和多样性演变, 导致病原菌增多。

关键词: 太子参; 连作效应; 根际微生物; 高通量测序; 群落多样性; 相关性分析

中图分类号: Q 93; Q 49.745.8

文献标志码: A

文章编号: 1008-0384 (2021) 03-0345-13

Microbial Diversity in Rhizosphere Soil of *Pseudostellaria heterophylla* and Its Correlation with Main Soil Physicochemical Factor

GAO Huifang¹, XU Jiayin², MENG Ting¹, CHEN Jinshao³, QIU Junzhi¹, ZHANG Zhongyi⁴, ZHANG Liaoyuan^{1*}

(1. College of Life Sciences, Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou, Fujian 350002, China;
2. Department of pharmacy, the First Affiliated Hospital of Xiamen University, Xiamen, Fujian 361022, China;
3. Xiamen Traditional Chinese Medicine, Xiamen, Fujian 361002, China;
4. College of Agriculture, Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou, Fujian 350002, China)

Abstract: 【Objective】 Chemical and microbial factors in field soils related to disease occurrence of continuously cropped *Pseudostellaria heterophylla* were investigated. 【Method】 Microbial community structure and diversity of rhizosphere soil from 5 continuous cropping *P. heterophylla* fields in Zherong County, Fujian were analyzed on data obtained by high-throughput sequencing technology. Correlation analysis of the microbial distribution was conducted based on the chemical properties of rhizosphere soil and phenolic acids. 【Result】 A clustering analysis on 744,331 fungal and 1,032,029 bacterial effective sequences resulted in 1,314 operational taxonomic units for the fungi and 10,310 for the bacteria. At each of the 5 locations, the number of common OTUs was significantly greater than that of unique ones. On the other hand, the alpha diversity analysis showed significant differences in microbial composition and abundance among the habitats as the species richness at Habitat IV, II, and I were higher than those at Habitat V and III. The canonical correspondence analysis indicated the soil chemical properties and phenolic acids in the root exudates significantly affected the microbial distribution. *Fusarium* and other pathogenic fungi were found at all 5 sites with the count of the pathogenic fungi inversely proportional to that of

收稿日期: 2020-09-04 初稿; 2020-12-29 修改稿

作者简介: 高慧芳 (1989-), 女, 博士研究生, 主要从事植物连作障碍与植物微生物互作研究 (E-mail: 1365677053@qq.com); 许佳音 (1982-), 男, 副主任药师, 主要从事中药资源研究 (E-mail: joy34523@163.com)

* 通信作者: 张燎原 (1979-), 男, 教授, 博士, 主要从事中药资源与生物技术研究 (E-mail: zliaoyuan@126.com)

基金项目: 国家自然科学基金项目 (81673542)

other microbial species, i.e., a possible correlation between *Fusarium* and the rhizosphere community. 【Conclusion】 It appeared that the continuous cropping that frequent fungal diseases on the plants might be significantly associated with the evolution of rhizosphere microbial structure and diversity mediated by the root exudate from *P. heterophylla* itself.

Key words: *Pseudostellaria heterophylla*; continuous cropping; rhizosphere soil; high-throughput sequencing; community diversity; correlation analysis

0 引言

【研究意义】太子参 (*Pseudostellaria heterophylla*) 别名孩儿参、童参, 为石竹科多年生草本植物, 以根部入药, 具有抗疲劳、抗衰老、调脾虚体倦等功效^[1]。太子参以福建省柘荣县栽培历史最为悠久, 其品质优良, 年产量约占全国总产量的 60%, 素有“中国太子参之乡”的美誉, 并于 1987 年列为太子参的最佳生长适宜区、中国太子参生产基地^[2]。近年来, 太子参医药价值开发日益深入, 其原药材的需求量迅速增加, 价格不断攀升, 给太子参产业化发展带来重要机遇。但由于太子参在栽培过程中存在的连作障碍问题, 严重影响其产量和品质^[3-4]。太子参连作障碍主要表现为块根重下降、分根数减少特别是地下部位不能正常膨大, 从而不能形成具有商品价值的块根。【前人研究进展】前期研究发现, 土壤肥力、植物根系分泌物和根际微生物种群的失衡, 是导致太子参连作障碍的主要原因^[5]。而根系分泌物介导的根际微生物种群失衡, 尤其是病原微生物的增多, 成为太子参连作效应发生的重要原因^[6-8]。微生物与土壤生态功能是相辅相成、息息相关的, 并且跟植物之间有着紧密关联。微生物群落的组成及其多样性是衡量土壤性质和功能的一个重要指标。有研究发现^[9], 太子参连作及菌肥处理会显著影响太子参根际土壤微生物的群落结构与功能多样性, 推测微生态结构失衡是导致太子参连作效应形成的根本原因。而不同产地的太子参根际土壤微生物的含量及群落结构存在较大差异性^[10]。【本研究切入点】柘荣县由于特殊的地理位置, 不同太子参种植地土壤性质、气候环境、海拔等因素有所差别, 但栽培过程中都存在不同程度的连作问题。不同的栽培过程是否导致菌群结构的变化, 存在哪些共性和差异性, 这些共性是否是引起连作问题、病害增多的原因。【拟解决的关键问题】本研究基于高通量测序技术, 研究柘荣县 5 个不同样地太子参根际土壤微生物群落结构及多样性, 并分析土壤 pH 值和主要化学性质及太子参根系分泌物酚酸类物质对其的影响, 以期揭示太子参栽培过程中病害形成存在的共性及差异性, 为科学种植太子参并提高其产量及品质提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

福建省宁德市柘荣县, 地理位置为 N27°05′~N27°19′, E119°43′~E120°04′, 属于亚热带季风气候, 温和湿润, 年平均气温 15.5℃, 雨量充沛, 年平均降水量为 1600~2400 mm, 平均相对湿度约为 85.00%, 雨日多雨区广, 11~2 月少雨, 3~6 月多雨^[2], 为太子参提供良好的种植条件。

1.2 试验样品采集

于 2018 年 6 月 25 日进行柘荣县太子参根际土壤的采集: 选择植株健壮的太子参, 除去表层土壤, 找到植物根系, 轻轻抖落根系上的土壤于无菌采集袋中, 做好采样记录。将每个样地的太子参根际土壤取 5 组混为 1 个样品, 每处样地设 3 次重复, 分别进行理化性质的测定、根系分泌物的检测和土壤宏基因组 DNA 的提取。5 个样地序号为: I (英山乡油麻厝村); II (东源乡鸳鸯头村); III (东源乡乡岭村); IV (东源乡东源村); V (乍洋乡束刘厝村)。5 个样地的地形为中山丘陵, 成土母质为坡积母质, 质地是中壤类型^[11], 详细信息如表 1 所示。

1.3 高通量测序及分类注释

以提取的宏基因组 DNA 为模板, 分别扩增真菌 ITS1 区和细菌 16S rDNA V3~V4 区, 基于 Miseq 平台进行高通量测序, 测序工作由杭州联川生物技术股份有限公司完成。根据测序下机数据, 进行质量控制, 采用 PEAR (Paired-End reAd mergeR, version 0.9.6) 和 Vsearch (version 2.3.4) 软件过滤原始的测序数据, 得到有效序列 (Valid_Data), 并将有效序列在大于 97.00% 相似性条件下进行聚类 OTU (Operational Taxonomic Units, 操作分类单元), 通过 RDP 数据库进行物种注释, 并得到每个物种在该样品中的丰度。利用 QIIME 软件计算样品中的 Alpha 多样性值和 Beta 多样性值, 并进行聚类分析。计算差异种群两两间的 Spearman 秩相关系数, 借助 Gephi (Version 0.9.2) 软件构建差异种群共变化网络, 进一步探究差异种群间的相互关系。

1.4 土壤 pH 值及主要化学性质的测定

测定采集土样的理化性质, 土壤 pH 值采用电位计

表 1 太子参根际土壤样品信息
Table 1 Information on soils sampled from rhizosphere of *P. heterophylla* habitats

序号 Number	采集地点 Collection places	经纬度 Latitude-longitude	采样条件 Sampling conditions
I	柘荣县英山乡油麻厝村 Youmacuo Village, Yingshan Township, Zherong County	N27°16'42" E119°49'2"	一年生 annual
II	柘荣县东源乡鸳鸯头村 Yuanyangtou Village, Dongyuan Township, Zherong County	N27°10'17" E119°56'42"	一年生 annual
III	柘荣县东源乡绸岭村 Chouling Village, Dongyuan Township, Zherong County	N27°11'20" E119°55'3"	一年生 annual
IV	柘荣县东源乡东源村 Dongyuan Village, Dongyuan Township, Zherong County	N27°13'1" E119°53'40"	一年生 annual
V	柘荣县乍洋乡东刘厝村 Shuliucuo Village, Zhayang Township, Zherong County	N27°11'54" E119°59'43"	一年生 annual

法（水土质量比 2.5:1）；土壤有机质（Organic Matter, OM）采用外加热重铬酸钾氧化-容量法；土壤全氮（total nitrogen, TN）采用碳氮元素分析仪（VARIO MAX, 德国 ELEMENTAR）测定^[12]；土壤铵态氮（ammonium nitrogen, NH₄⁺）采用靛酚蓝比色法；土壤全磷（total phosphorus, TP）采用氢氧化钠熔融-钼锑抗比色法；土壤有效磷（available phosphorus, AP）采用碳酸氢钠浸提-钼锑抗比色法；土壤全钾（total potassium, TK）采用碱熔-火焰光度法；土壤速效钾（available potassium, AK）采用乙酸铵浸提-火焰光度法^[13]。

土壤中有效态铜、有效态锌和有效态铁用 0.10% HCl 浸提，土壤中有效态锰采用醋酸铵浸提法，并使用电感耦合等离子质谱（ICP-MS, NexION 300X, PerkinElmer）测定^[14]。条件参数：功率为 1300 W，等离子气流量为 13.00 L·min⁻¹，辅助气流速为 1.40 L·min⁻¹，氦气流量为 5.20 L·min⁻¹，氢气流速为 5.80 L·min⁻¹，采用深度为 7.80 mm，重复采样 3 次。

1.5 土壤酚酸类物质的检测

土样的前期处理参考吴丹等^[15]的相关方法，样品旋蒸后用甲醇定容至 5 mL 后用高效液相色谱进行检测。9 种常见酚酸为对羟基苯甲酸、香草酸、丁香酸、香兰素、香豆酸、阿魏酸、苯甲酸、水杨酸及肉桂酸，溶解于甲醇作为标品进行 HPLC 检测。前期实验优化后的色谱条件：色谱柱（SunFire C18 5 μm, 4.6 mm×250 mm Column），流动相 A 为 0.1% 磷酸，流动相 B 为甲醇，0~6 min（A：73.00%；B：27.00%），6~22 min（A：50.00%；B：50.00%）检测波长 280 nm，进样量 10 μL，柱温 30℃。仪器为 Waters e2695-Model Code 998。

1.6 数据处理

采用 Excel 2016 和 SPSS 17.0 软件对数据进行单因素（one-way ANOVA）方差分析和 Duncan 法多重比较分析（ $\alpha=0.05$ ）。采用 Adobe Photoshop CS6 软件作图。采用 Canoco 5 软件进行典范对应（CCA）分析。

2 结果与分析

2.1 太子参根际土壤测序的有效数据

5 个样地的太子参根际土壤经测序后共得到 744 331 条真菌基因优化序列，按照 97.00% 序列相似性基础，可划分为 1314 个真菌分类单元（OTU）：14 门（Phylum），44 纲（Class），87 目（Order），157 科（Family），275 属（Genus），396 种（Species）；共得到 1032 029 条细菌基因优化序列，按照 97.00% 序列相似性划分 10310 个细菌分类单元（OTU）：38 门（Phylum），101 纲（Class），160 目（Order），263 科（Family），484 属（Genus），554 种（Species）。如图 1-A 和 1-B 所示，真菌和细菌的 OTU 丰度存在不同程度的差异。1-A 所示，5 组之间只有 I 组和 II 组真菌 OTU 丰度呈显著差异性；1-B 所示，IV 组的细菌 OTU 丰度最高；III 组的细菌 OTU 丰度最低，与 I、II 组的细菌 OTU 丰度有显著差异性；而 III 组和 IV 组的细菌 OTU 丰度呈极显著差异。不同样地的真菌 OTU 丰度与细菌 OTU 相比，5 组之间的细菌 OTU 丰度呈现更明显的差异性。说明不同栽培地对太子参根际土壤细菌的影响大于对其真菌的影响，且太子参根际土壤微生物以细菌为主。

通过对韦恩图中各样品特有的或共有的真菌 OTU 数进行分析，如图 1-C 所示，5 个样地的样品中真菌共有 OTU 数达到 264 个。其中，I、II、IV、V 4 组的共有真菌 OTU 为 99，说明这 4 组的真菌群落结构相似性高；I、II 和 IV 三者共有的真菌 OTU 为 40，说明这 3 组的真菌群落结构相似性较高；III 和 IV 这两者的共有真菌 OTU 为 64，说明这 2 组的真菌群落结构相似性较高；I、II、III、IV、V 特有真菌 OTU 分别为 31、22、121、45、72，分别占其 OTU 总数的 4.03%、3.12%、16.31%、5.45%、9.36%。而 5 个样地共有真菌 OTU 数均高于其他的随机组合共有真菌 OTU，表明不同样地的微生物物种相近。

从图 1-D 可以看出，5 个样地土壤细菌共有 OTU

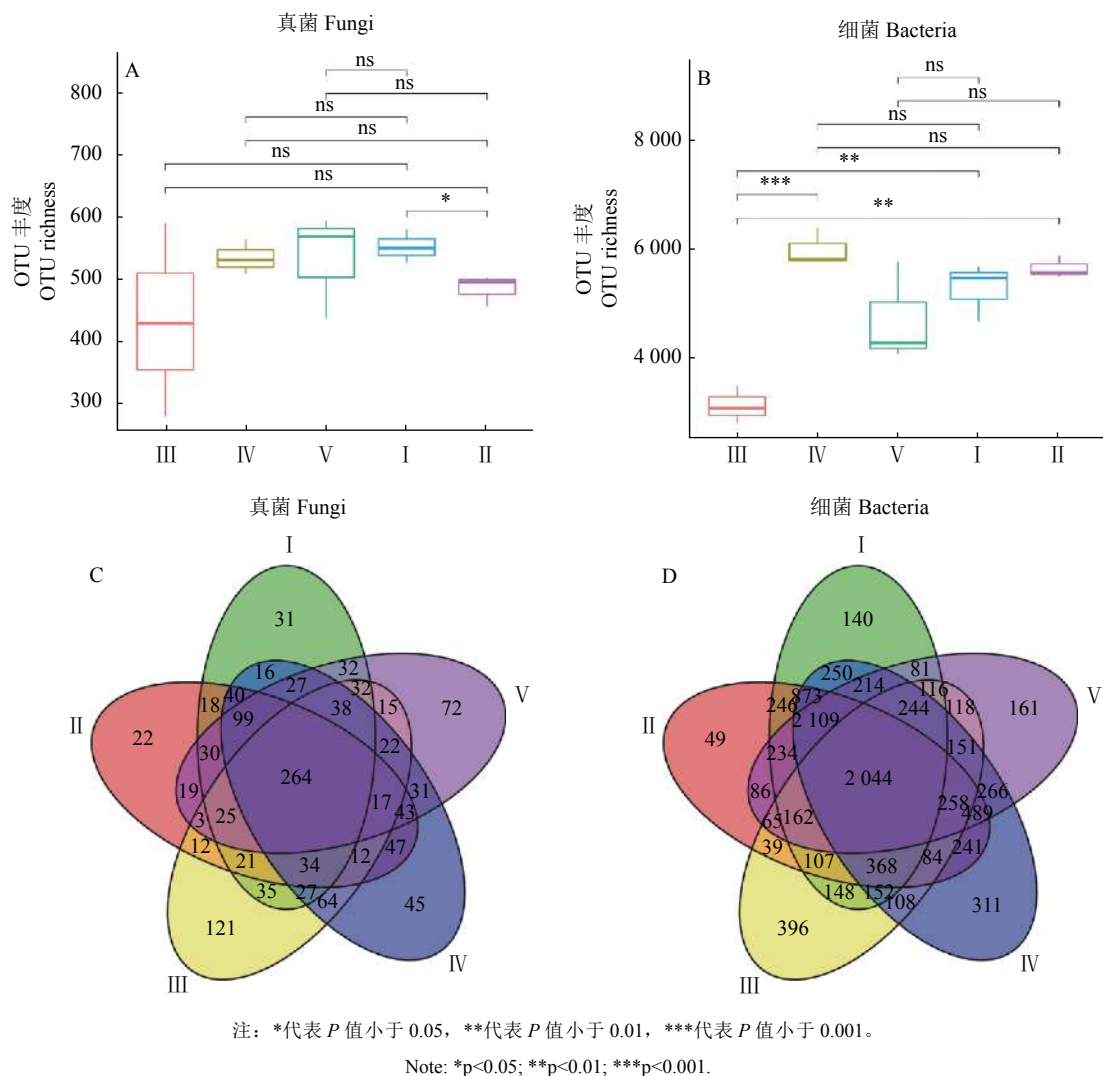


图 1 真菌和细菌的 OTU 丰度及韦恩图 (AB: 箱线图; CD: 韦恩图)

Fig. 1 OTU richness and Venn diagrams on fungi and bacteria in rhizosphere soil (AB: Box-plot; CD: Venn diagrams)

数为 2 044; I、II、IV 和 V 四组的共有细菌 OTU 为 2 109, 说明这 4 组的细菌群落结构相似性高; I、II 和 IV 三者共有的细菌 OTU 为 873, 说明这 3 组的细菌群落结构相似性较高; I 和 IV 这两者的共有细菌 OTU 为 250, 说明这 2 组的细菌群落结构相似性较高; I、II、III、IV、V 特有细菌 OTU 分别为 140、49、396、311、161, 分别占各太子参细菌 OTU 总数的 1.87%、0.66%、8.68%、3.81%、2.37%。

从图 1 综合分析, 单个样地的 OTU 数均不同, 其中单个样地的 OTU 数 III 为最多 (真菌 121 个, 细菌 396 个), II 最少 (真菌 22 个, 细菌 49 个), 说明不同样地太子参根际土壤中各自特有的微生物不同, 存在差异性; 而 5 个样地的共有 OTU 数明显多于特有的数量, 说明 5 个样地的根际土壤微生物组成趋势相似。

2.2 5 个样地太子参根际土壤微生物群落丰度与多样性比较 5 个样地太子参根际土壤微生物群落的 α 多

样性, 其中 Observed-species 指数、Chao1 指数越高, 说明物种多样性越好, 物种越丰富; Simpson 指数和 Shannon 指数越高, 说明物种丰富度和均匀度越好。如表 2 所示, 结果发现, 太子参根际土壤细菌群落的 Observed-species 指数和 Chao1 指数呈明显的差异性。其中 IV、II 土壤中细菌有着较高的 Observed-species 指数、Chao1 指数和 Shannon 指数, 说明样地 IV、II 土壤的细菌群落丰富度和多样性高于其他 3 个样地; III 土壤的多样性指数均呈现较低值, 说明此样地土壤菌群丰富度和多样性较低。总之太子参根际土壤中细菌群落多样性呈现趋势为: IV > II > I > V > III, 5 个样地太子参根际土壤的细菌群落丰富度及均匀性存在显著差异, 而真菌群落差异不明显。

主坐标分析图上点与点之间的距离越近, 说明样品之间的微生物群落差异越小。由图 2 可以看出, 真菌第一轴的解釋量为 27.25%, 第二轴的解釋

表 2 样品 α 多样性指数
Table 2 α diversity indices on 5 rhizosphere soil samples at *P. heterophylla* habitats

微生物 Microbe	样本 Samples	物种丰富度指数 Observed_species	香农指数 Shannon	辛普森指数 Simpson	Chao1 指数 Chao1
细菌 Bacteria	I	5016.67ab	10.51a	1.00a	6403.94ab
	II	5458.00a	10.94a	1.00a	6804.53a
	III	3019.67c	9.32b	0.99a	3907.68c
	IV	5502.00a	10.68a	1.00a	7007.58a
	V	4407.33b	10.19ab	0.99a	5717.60b
真菌 Fungi	I	470.00a	6.09a	0.97a	565.75a
	II	417.67a	5.74a	0.95a	512.36a
	III	348.33a	4.70a	0.82a	426.65a
	IV	469.00a	6.18a	0.97a	501.44a
	V	410.67a	4.68a	0.81a	506.34a

注：同列数据后字母分别表示差异显著（ $P<0.05$ ）。表5~8同。
Note: Data with letters on same column indicate significant difference ($P<0.05$). Same for Table 5-8.

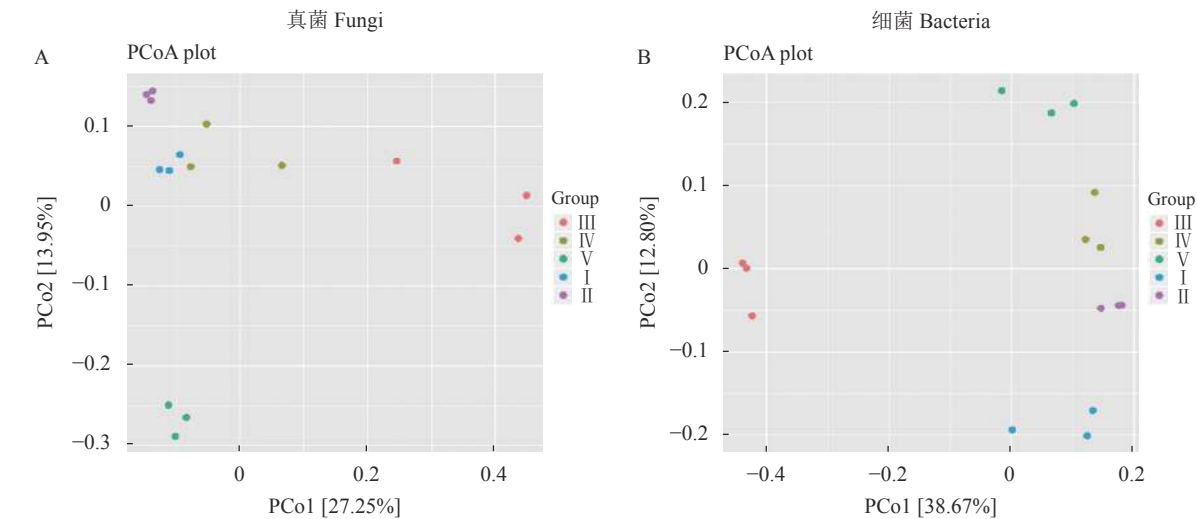


图 2 主坐标分析太子参根际土壤真菌和细菌群落差异
Fig. 2 Principal coordinates analysis on fungi and bacteria communities in rhizosphere soil of *P. heterophylla* habitats

量为 13.95%，第一、二两轴的累积贡献率达到 41.20%；细菌第一轴的解釋量为 38.67%，第二轴的解釋量为 12.80%，第一、二两轴的累积贡献率达 51.47%，可以较为全面反映样本信息。图 2-A 中，其中 IV、I、II 之间的点距离较近，说明 3 个样地的微生物群落构成相似。而 III、V 的 3 个点与其他样地的点之间距离较远，说明 III、V 与其他样地的微生物群落构成差异较大。从图中可以看出，无论是真菌或者细菌群落，IV、I、II 这 3 个样地之间距离较近，说明每组内的群落构成相似性较高；而 III 与其他样地距离较远，说明该样地的微生物群落与其他样地的微生物群落构成相似性较低。

基于 Unifrac 距离矩阵进行 UPGMA 聚类分析，

如图 3 所示，将 5 组样品划分为 2 个类群。第一类群包括 I、II、IV、V 四组样品，说明这 4 个样地太子参根际土壤微生物群落相似性较高；第二类为 III 样地样品，与第一类样品整体距离较远，说明 III 样地样品与其他 4 组样地太子参根际土壤微生物群落差异较大。

2.3 微生物群落结构分析

为了反映太子参根际土壤微生物群落组成的相似性和差异性，对 OTU 进行物种分类后首先在“门”分类等级对 5 个样地的菌群结构进行分析。如图 4-A 所示，聚类后 OTU 对应的真菌类群涉及子囊菌门（Ascomycota）、担子菌门（Basidiomycota）、接合菌门（Zygomycota）、被孢菌门（Mortierellomycota）、毛霉门

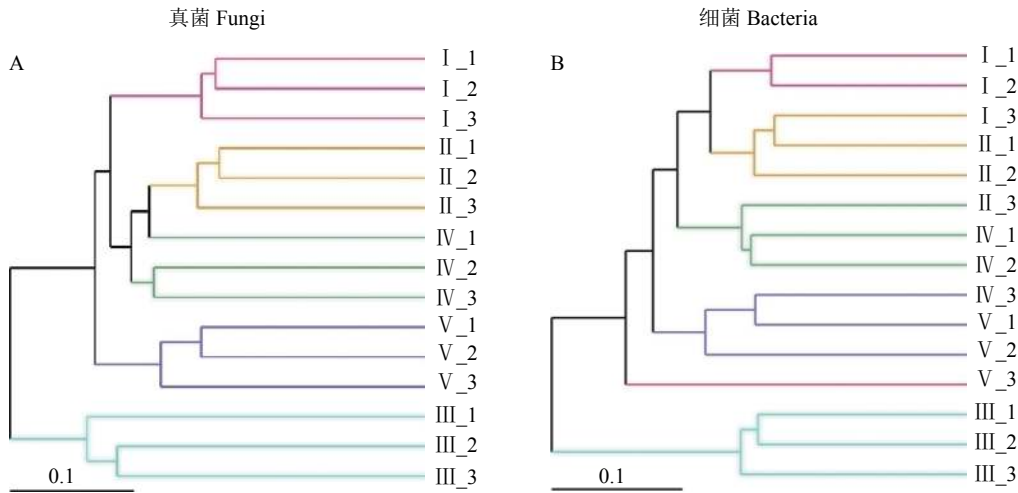
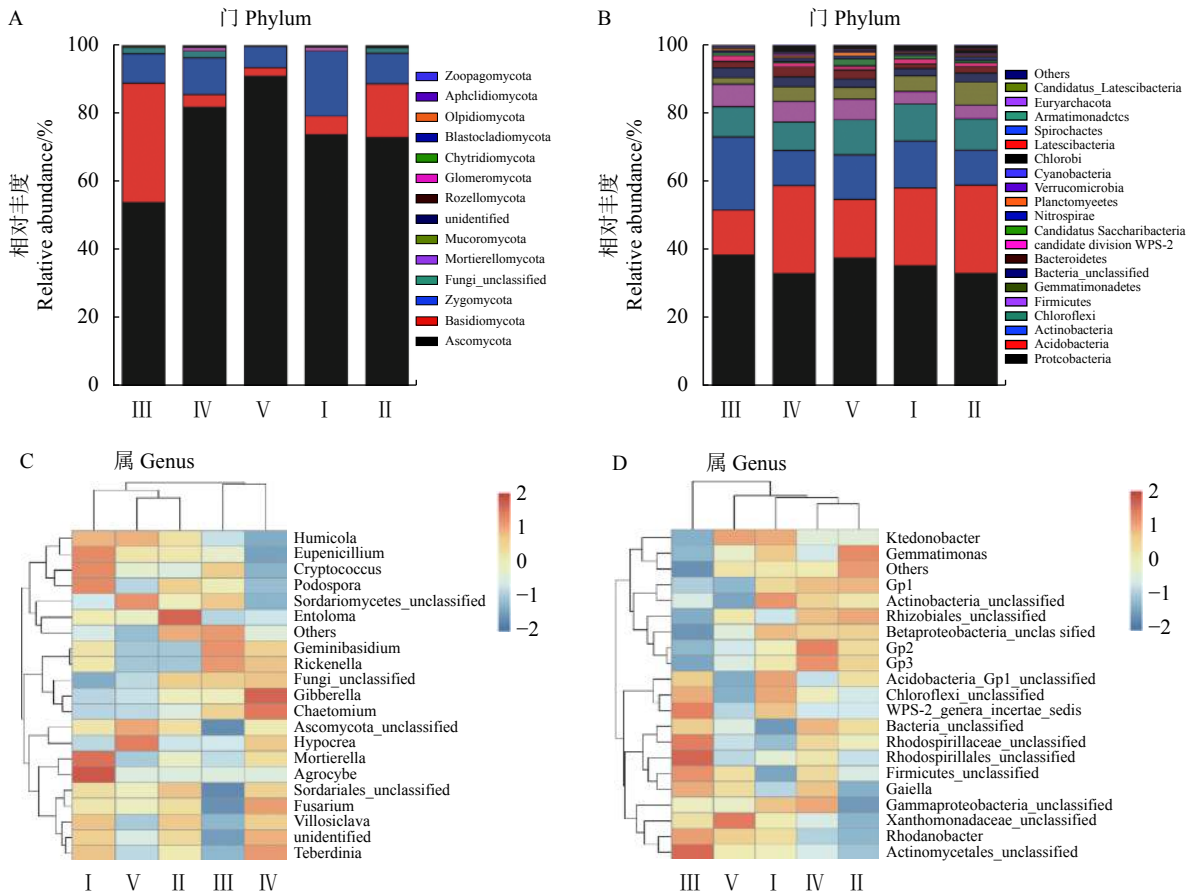


图 3 UPGMA 聚类分析

Fig. 3 Cluster analysis of UPGMA



A: “门”水平真菌组成; B: “门”水平细菌组成; C: “属”水平真菌热图; D: “属”水平细菌热图。

Note: A: fungi community at phylum level; B: bacteria community at phylum level; C: fungi heatmap at genus level; D: bacteria heatmap at genus level.

图 4 太子参根际土壤优势微生物群落组成

Fig. 4 Compositions of dominant microbial communities in rhizosphere soil of *P. heterophylla* habitats

(*Mucoromycota*)、类原生动物门(*Rozellomybota*)、球囊菌门(*Glomeromycota*)、壶菌门(*Chytridiomycota*)、芽枝菌门(*Blastocladiomycota*)、油壶菌门(*Olpidiomycota*)、*Aphelidiomycota*、捕虫菌门

(*Zoopagomycota*)，一个门未被鉴定 *unidentified*，一个门未被分类 *fungi_unclassitied*。其中子囊菌门(*Ascomycota*)、担子菌门(*Basidiomycota*)、接合菌门(*Zygomycota*) 在 5 个样地的含量都很高；子囊

菌门 (*Ascomycota*) 在 V 根际土壤中的含量为最高, 在 III 根际土壤中含量较低; 担子菌门 (*Basidiomycota*) 在 III 根际土壤中的含量为最高, 在 V 根际土壤中含量较低; 接合菌门 (*Zygomycota*) 在 I 根际土壤中含量为最高, 在 V 根际土壤中的含量较低, 说明不同样地的微生物群落丰度存在差异。

如图 4-B 所示, 在细菌“门”的分类水平上, 5 个样地太子参根际土壤在细菌菌落的组成上并无较大差别, 且在细菌菌群结构和相对丰度上差异也较小。在 5 个样地的太子参根际土壤中有 6 个“门”的细菌菌群分布最多: 变形菌门 (*Proteobacteria*)、酸杆菌门 (*Acidobacteria*)、放线菌门 (*Actinobacteria*)、绿弯菌门 (*Chloroflexi*)、后壁菌门 (*Firmicutes*)、芽单胞菌门 (*Gemmatimonadetes*)。其中变形菌门 (*Proteobacteria*) 在 5 个样地的丰度最高, 并在 III 的太子参根际土壤中含量占据首位。酸杆菌门 (*Acidobacteria*) 在 5 个样地的丰度有所差异, 其中在 IV 和 II 的太子参根际土壤中含量相似且丰度较高, 在 III 土壤中的含量为最少。而放线菌门 (*Actinobacteria*) 在 III 土壤中含量最高, 在 IV 和 II 的土壤含量相对较低。绿弯菌门 (*Chloroflexi*) 和后壁菌门 (*Firmicutes*) 在 5 个样地的土壤中含量基本持平。总的来说, 在“门”分类水平上, 5 个样地的优势菌群保持一致, 说明在“门”水平, 太子参根际土壤微生物群落组成具有相似性。

丰度热图是对丰度最高的前 20 种物种分类信息进行相似性聚类, 比较在不同样地之间“属”的含量差异, 从图 4-C 中可以看出, 正青霉属 (*Eupenicillium*)、隐球菌属 (*Cryptococcus*)、柄孢壳属 (*Podospora*)、被孢霉属 (*Mortierella*)、田头菇属 (*Agrocybe*) 在样地 I 中丰度较高, 腐质霉属 (*Humicola*)、*Ascomycota_unclassified*、肉座菌属 (*Hypocrea*) 在样地 V 中丰度较高, 粉褶蕈属 (*Entoloma*) 在样地 II 丰度较高, 双担菌属 (*Geminibasidium*)、瘦脐菇属 (*Rickenella*) 在样地 III 中丰度较高, 赤霉属 (*Gibberella*)、毛壳菌属 (*Chaetomium*)、镰刀菌属 (*Fusarium*)、捷别尔达孢属 (*Teberdinia*) 在 IV 中丰度较高。由此可见, 同一菌属在不同样地的丰度存在差异性。如图 4-D 所示, 同一细菌物种在不同样地间的丰度亦存在差异, 如 *Gp2*、*Gp3* 在样地 IV 中丰度较高, 芽单胞菌属 (*Gemmatimonas*) 在样地 II 中丰度较高, 但是它们在其他样地中丰度均较低; 对各样品进行聚类发现, II 和 IV 为一类, 此结果与细菌群落组成及分布图一致。

表 3 展示的是不同样地间太子参根际土壤真菌

群落中前 20 种优势分类单元及其相对丰度。可以看出, I 样地的优势“属”是被孢霉属 (*Mortierella*)、腐质霉属 (*Humicola*)、柄孢壳属 (*Podospora*) 等; II 样地的优势“属”是被孢霉属 (*Mortierella*)、粉褶蕈属 (*Entoloma*)、腐质霉属 (*Humicola*) 等; III 样地的优势“属”是瘦脐菇属 (*Rickenella*)、双担菌属 (*Geminibasidium*)、被孢霉属 (*Mortierella*) 等; IV 样地的优势“属”是被孢霉属 (*Mortierella*)、赤霉属 (*Gibberella*)、捷别尔达孢属 (*Teberdinia*) 等; V 样地的优势“属”是腐质霉属 (*Humicola*)、被孢霉属 (*Mortierella*) 等。总体来看, 不同样地的优势“属”不同, 同种“属”在不同样地间的丰度不同, 但差异不明显, 说明不同样地的太子参根际土壤的微生物真菌群落趋于一致。

如表 4 所示, 在细菌“属”水平, 可能是测序原因 (由于微生物种类繁多, 加之受到测序读长的显示, 所以在实际分析过程中, 并非所有的 OTU 代表序列都能获得“属”水平的分类学信息), 在前 20 个优势属中, 只鉴定得到 7 种, 它们为酸杆菌 (*Gp1*、*Gp2*、*Gp3*), 罗河杆菌属 (*Rhodanobacter*)、芽单胞菌属 (*Gemmatimonas*)、纤线杆菌属 (*Ktedonobacter*)、勒氏菌属 (*Gaiella*); 将每个菌属在不同样地进行比较可以看出, 芽单胞菌属 (*Gemmatimonas*) 在 II 的含量多于其他样地; 罗河杆菌属 (*Rhodanobacter*) 在 III 的含量明显多于其他样地; 酸杆菌 (*Gp1*) 在 5 个样地的含量均较高, 而酸杆菌 (*Gp2*、*Gp3*) 在 IV 的含量高于其他 4 个样地; 纤线杆菌属 (*Ktedonobacter*) 在 V、I 的含量较高, 在 III 的含量较低。同种“属”在不同样地间的丰度不同, 结果表明, 5 个样地的微生物菌属丰度存在差异性, 说明不同样地太子参根际土壤微生物群落结构不同。

2.4 5 个样地太子参土壤化学性质和酚酸含量分析

从表 5 看出, 不同样地太子参根际土壤化学性质均存在差异性。太子参根际土壤偏酸性, pH 值为 4.8~5.3。在 II 和 V 2 个样地, 土壤有机质、全氮、全钾含量均较高; 在样地 III 中全磷、速效钾含量最高, 而有机质、全钾指标与其他 4 个样地相比含量较低。从表 6 得出, 有效态微量元素在样地 III 中的含量均较低。其中: 有效态锰在 IV 中含量最高, 为 23.14 mg·kg⁻¹; 有效态铜、有效态铁在 I 中含量最高, 分别为 4.18 mg·kg⁻¹ 和 151.94 mg·kg⁻¹; 有效态锌在 II 中含量最高, 为 13.19 mg·kg⁻¹; 其中有效态锰和有效态铜含量不同样地差异显著。表明不同样地太子参根际土壤化学性质存在差异性, 说明不同样地太子参的种植会对太子参根际土壤的化学性质产生

表 3 不同样地太子参根际土壤真菌群落中前 20 种优势分类单元及其相对丰度
Table 3 Top 20 dominant taxa and their relative abundance of fungi community in rhizosphere soil of *P. heterophylla* habitats

属名 Genus	相对丰度 Relative abundance /%				
	I	II	III	IV	V
子囊菌门_未分类 <i>Ascomycota_unclassified</i>	12.98 a	14.06 a	3.13 a	12.37 a	24.03 a
未鉴定 <i>unidentified</i>	14.85 a	13.25 ab	4.96 b	17.16 a	8.03 ab
被孢霉属 <i>Mortierella</i>	20.14 a	9.03 b	6.78 b	11.65 b	6.13 b
粪壳菌纲_未分类 <i>Sordariomycetes_unclassified</i>	3.44 a	6.54 a	15.03 a	1.72 a	26.65 a
腐质霉属 <i>Humicola</i>	7.14 a	6.06 a	4.60 a	3.93 a	7.25 a
赤霉属 <i>Gibberella</i>	1.74 a	2.99 b	2.96 b	9.45 a	1.90 b
瘦脐菇属 <i>Rickenella</i>	0.01 a	0.00 a	17.27 a	1.18 a	0.00 a
捷别尔达孢属 <i>Teberdinia</i>	3.51 ab	0.95 b	0.07 b	7.59 a	0.16 b
双担菌属 <i>Geminibasidium</i>	0.01 b	0.00 b	10.59 a	0.15 b	0.00 b
粪壳菌目_未分类 <i>Sordariales_unclassified</i>	1.98 bc	3.93 a	0.06 d	3.05 ab	1.00 cd
隐球菌属 <i>Cryptococcus</i>	3.52 a	1.00 b	2.27 ab	0.59 b	1.16 b
正青霉属 <i>Eupenicillium</i>	2.69 a	1.67 a	1.42 a	0.84 a	1.70 a
稻曲菌属 <i>Villosiclava</i>	2.74 a	2.53 a	0.07 b	2.22 a	0.11 b
粉褶蕈属 <i>Entoloma</i>	0.19 a	7.24 a	0.02 a	0.03 a	0.10 a
柄孢壳属 <i>Podospora</i>	3.75 a	1.76 ab	0.87 ab	0.22 b	0.31 b
真菌_未分类 <i>Fungi_unclassified</i>	0.02 a	1.53 a	1.66 a	1.94 a	0.06 a
肉座菌属 <i>Hypocrea</i>	0.31 a	0.34 a	0.36 a	1.29 a	2.44 a
毛壳菌属 <i>Chaetomium</i>	0.22 b	0.33 b	0.90 b	2.18 a	0.23 a
镰刀菌属 <i>Fusarium</i>	0.57 a	0.69 a	0.06 a	1.66 a	0.40 a
田头菇属 <i>Agrocybe</i>	0.51 a	0.21 a	0.11 a	0.23 a	0.25 a

注：同行数据后字母分别表示差异显著（ $P<0.05$ ）.表4同。
Note: Data with letters on same row indicate significant difference ($P<0.05$). Same for Table 4.

影响。

如表 7、8 所示，5 个样地太子参根系分泌物中均含有对羟基苯甲酸、香草酸、丁香酸、香兰素、香豆酸、阿魏酸、苯甲酸、水杨酸和肉桂酸。其中，5 个样地中对香豆酸、安息香酸、丁香酸的总含量高于其他 6 种，肉桂酸的含量最低；丁香酸、对羟基苯甲酸、对香豆酸、香兰素在 5 个样地中含量差异明显。总之，同一酚酸在不同样地含量不同，同一样地的不同酚酸含量也存在差异性。说明不同样地太子参根系分泌物中酚酸种类相同，但含量会有所差异。

2.5 网络关系图

网络关系图被广泛应用于复杂微生物群落的探究中。以上研究表明：不同样地太子参根际土壤的微生物菌属分布及丰度差异显著。为进一步探究太

子参根际微生态环境中微生物间的相互作用，本研究通过对差异菌属两两间相关系数的计算，构建共变化网络（图 5），在真菌菌属共变化网络中，核心菌属是捷别尔达孢属（*Teberdinia*）、稻曲菌属（*Villosiclava*）；在细菌的共变化网络系统中，核心菌属是酸杆菌（*Gp1*、*Gp3*）和罗思河小杆菌属（*Rhodanobacter*）。

2.6 不同样地太子参根际土壤微生物群落分布、土壤化学性质及酚酸典范对应分析

选取真菌的前 3 优势“门”-子囊菌门（*Ascomycota*）、担子菌门（*Basidiomycota*）、接合菌门（*Zygomycota*）和细菌的前 4 优势“门”-变形菌门（*Proteobacteria*）、酸杆菌门（*Acidobacteria*）、放线菌门（*Actinobacteria*）、绿弯菌门（*Chloroflexi*），探讨太子参根际土壤微生物丰度、根际土壤化学性质及酚酸类物质的典范对

表 4 不同样地太子参根际土壤细菌群落中前 20 种优势分类单元及其相对丰度

Table 4 Top 20 dominant taxa and their relative abundance of bacteria community in rhizosphere soil of *P. heterophylla* habitats

属名 Genus	相对丰度 Relative abundance/%				
	I	II	III	IV	V
酸杆菌 <i>Gp1</i>	8.28a	9.13a	5.91a	8.98a	5.51a
厚壁菌门_未分类 <i>Firmicutes_unclassified</i>	2.26b	3.19b	6.20a	4.60ab	4.40ab
黄单胞菌科_未分类 <i>Xanthomonadaceae_unclassified</i>	3.25a	1.33a	3.73a	2.14a	8.35a
绿弯菌门_未分类 <i>Chloroflexi_unclassified</i>	3.79a	3.02a	3.76a	3.28a	2.75a
β-变形菌纲_未分类 <i>Betaproteobacteria_unclassified</i>	3.58a	3.36ab	1.94b	3.33ab	2.61ab
罗河杆菌属 <i>Rhodanobacter</i>	2.48ab	0.20b	7.51a	0.34b	3.67ab
γ-变形菌纲_未分类 <i>Gammaproteobacteria_unclassified</i>	3.22a	1.83b	2.63b	3.41a	2.57ab
细菌_未分类 <i>Bacteria_unclassified</i>	2.20a	2.73a	2.83a	2.90a	2.49a
芽单孢菌属 <i>Gemmatimonas</i>	3.13a	3.76a	1.70a	2.06a	2.34a
放线菌目_未分类 <i>Actinomycetales_unclassified</i>	2.03ab	1.09c	5.72a	1.47ab	2.20a
酸杆菌 <i>Gp3</i>	2.50a	2.77a	1.66a	3.28a	2.12a
红螺菌科_未分类 <i>Rhodospirillaceae_unclassified</i>	1.32b	2.02ab	3.62a	2.51ab	1.55b
根瘤菌目_未分类 <i>Rhizobiales_unclassified</i>	2.09a	2.34a	2.00a	2.31a	2.21a
红螺菌目_未分类 <i>Rhodospirillales_unclassified</i>	1.76b	1.50b	3.84a	2.16b	1.46b
纤线杆菌属 <i>Ktedonobacter</i>	2.51a	1.72ab	1.33b	1.71ab	2.57a
酸杆菌 <i>Gp2</i>	1.75ab	2.14b	1.01c	3.29a	1.34ab
酸杆菌门_酸杆菌_未分类 <i>Acidobacteria_Gp1_unclassified</i>	2.21a	1.84ab	2.01ab	1.42bc	1.23c
勒氏菌属 <i>Gaiella</i>	1.36a	1.23a	2.06a	1.96a	1.81a
放线菌纲_未分类 <i>Actinobacteria_unclassified</i>	2.44a	1.72ab	1.31b	1.96ab	0.95b
未命名 <i>WPS-2_genera_incertae_sedis</i>	1.51a	1.16a	1.68a	1.16a	1.12a

表 5 不同样地太子参根际土壤化学性质

Table 5 Chemical properties of rhizosphere soil from *P. heterophylla* habitats

序号 Number	酸碱度 pH	有机质 Organic matter/ (g·kg ⁻¹)	全氮 Total N/ (g·kg ⁻¹)	全磷 Total P/ (g·kg ⁻¹)	全钾 Total K/ (g·kg ⁻¹)	铵态氮 Ammonium N/ (mg·kg ⁻¹)	有效磷 Available P/ (mg·kg ⁻¹)	速效钾 Available K/ (mg·kg ⁻¹)
I	4.82c	32.56c	1.58b	1.54e	1.05b	14.67b	45.90ab	90.00b
II	5.31a	43.83a	2.37a	2.06c	1.08b	14.00b	51.30ab	62.00c
III	4.64d	23.30d	1.36c	2.59a	0.67c	14.00b	52.20b	195.00a
IV	4.95b	38.07b	1.28c	1.61d	1.10b	18.67a	44.00b	107.00b
V	4.82c	39.84b	2.27a	2.38b	2.19a	14.67b	54.50a	106.50b

表 6 不同样地太子参根际土壤中有效态微量元素的含量

Table 6 Content of available trace elements in rhizosphere soil of *P. heterophylla* habitats

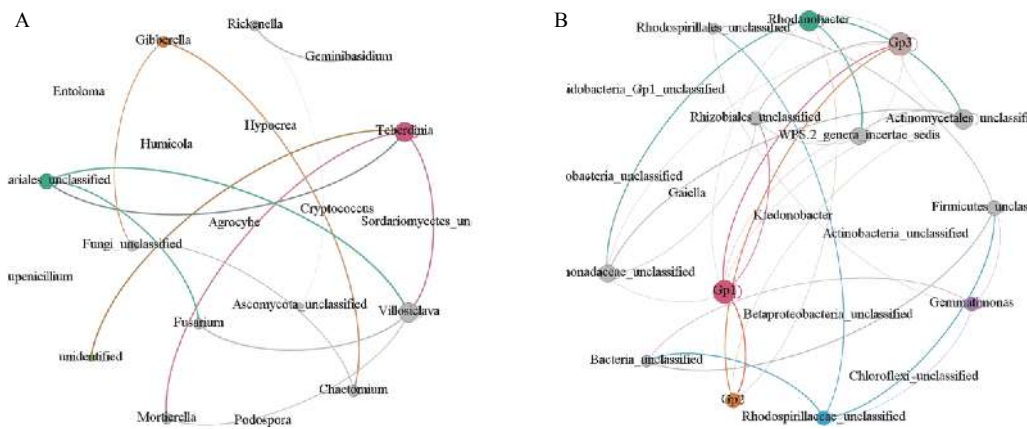
序号 Number	有效态锰 Available Mn/ (mg·kg ⁻¹)	有效态铜 Available Cu/ (mg·kg ⁻¹)	有效态锌 Available Zn/ (mg·kg ⁻¹)	有效态铁 Available Fe/ (mg·kg ⁻¹)
I	18.45d	4.18a	9.35d	151.94a
II	19.33c	1.23d	13.19a	64.08c
III	16.80e	0.76e	5.19e	43.85e
IV	23.14a	2.53c	11.80b	98.50b
V	21.22b	3.29b	11.61c	49.46d

表 7 不同样地太子参根分泌酚酸的含量
Table 7 Content of phenolic acids in root exudates of *P. heterophylla* at different locations

序号 Number	香草酸 Vanillic acid/ (mg·kg ⁻¹)	丁香酸 Syringic acid/ (mg·kg ⁻¹)	对羟基苯甲酸 p-Hydroxybenzoic acid/ (mg·kg ⁻¹)	对香豆酸 p-Coumaric acid/ (mg·kg ⁻¹)
I	0.84b	2.99b	1.73c	3.83c
II	1.38a	4.05a	1.86a	6.07a
III	0.78c	1.93e	1.76b	1.83e
IV	0.87b	2.85c	1.53d	3.28d
V	0.71d	2.19d	1.28e	4.77b

表 8 不同样地太子参根分泌酚酸的含量
Table 8 Content of phenolic acids in root exudates of *P. heterophylla* at different locations

序号 Number	香兰素 Vanillin/ (mg·kg ⁻¹)	阿魏酸 Ferulic acid/ (mg·kg ⁻¹)	安息香酸 Benzoic Acid/ (mg·kg ⁻¹)	水杨酸 Salicylic acid/ (mg·kg ⁻¹)	肉桂酸 Cinnamic acid/ (mg·kg ⁻¹)
I	0.68d	1.45b	3.83a	1.51ab	0.13c
II	1.02a	2.03a	2.58c	1.40b	0.15a
III	0.65e	0.90d	2.45c	1.37bc	0.12d
IV	0.72b	1.35c	3.31b	1.24c	0.13b
V	0.70c	1.46b	3.37b	1.57a	0.15d



A: 真菌; B: 细菌。
Note: A: fungi; B: bacteria

图 5 太子参根际差异微生物共变化网络图

Fig. 5 Co-occurrent network of microorganisms in rhizosphere soil of *P. heterophylla* habitats

应分析。如图 6-A、6-B 所示，子囊菌门（*Ascomycota*）丰度与根际土壤大部分化学性质、酚酸物质呈正相关关系，与全磷、有效磷、对羟基苯甲酸、香草酸呈负相关关系；而担子菌门（*Basidiomycota*）丰度与大部分根际土壤化学性质、酚酸物质呈负相关关系，与全磷、有效磷、对羟基苯甲酸、香草酸呈正相关关系；接合菌门（*Zygomycota*）丰度与有效态铜、铵态氮、对羟基苯甲酸、丁香酸、安息香酸呈正相关关系。图 6-C 和 6-D 所示，放线菌门（*Actinobacteria*）丰度与速效钾、全磷呈正相关关系，与酚酸物质

呈负相关关系；绿弯菌门（*Chloroflexi*）丰度与有效态铁、对羟基苯甲酸呈正相关关系；变形菌门（*Proteobacteria*）丰度与铵态氮、有效磷、水杨酸呈正相关关系；酸杆菌门（*Acidobacteria*）丰度与根际土壤大部分化学性质和酚酸物质呈正相关关系，与全磷、有效磷、速效钾、水杨酸呈负相关关系。典范对应分析表明太子参根际土壤微生物群落分布受土壤理化性质及酚酸类物质的影响，说明太子参土壤化学性质及酚酸类物质参与了根际微生物群落结构及多样性的演变。

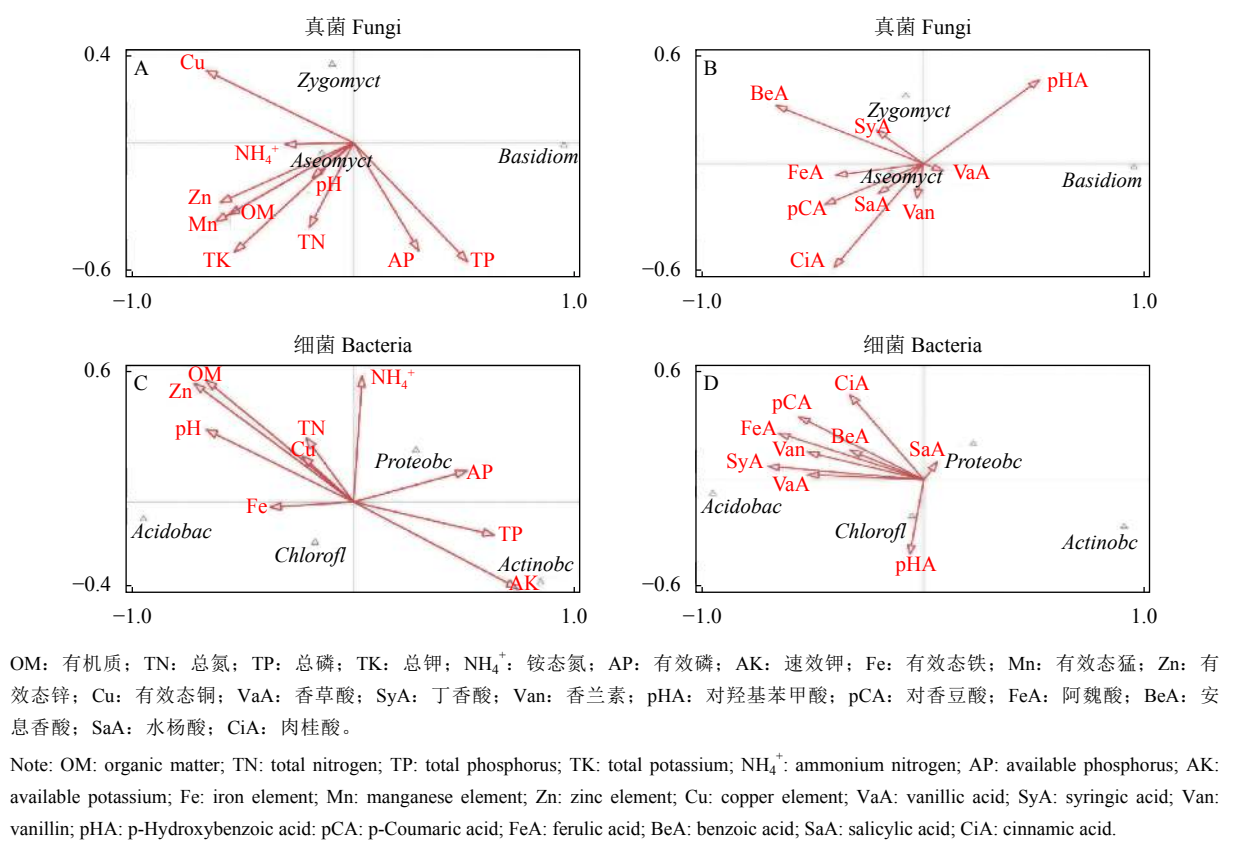


图 6 太子参根际土壤微生物群落分布、化学性质和酚酸物质的典范对应分析

Fig. 6 Canonical correspondence analysis on community distribution, chemical properties and phenolic acids in rhizosphere soil of *P. heterophylla* habitats

3 讨论与结论

许多作物都存在连作效应，尤以药用植物表现最为突出，约占 70.00% 的以根部入药的药用植物存在不同程度的连作效应，如太子参、泽泻、三七、地黄等均存在严重的连作效应问题^[16]。根际是土壤与植物根系之间紧密结合的环境，同时也是土壤-根系-微生物三者紧密结合、相互影响的场所^[17]。邹立思^[10]等研究发现，太子参根际土壤微生物以细菌为主，还包含放线菌及真菌，这与本研究同样地太子参根际土壤的细菌数目明显多于真菌结论一致。5 个样地的优势属中的镰刀菌属 (*Fusarium*) 和赤霉属 (*Gibberella*) 为常见的真菌致病菌。在药用植物中，镰刀菌成为主要的致病菌对象^[18]。薛彩云等^[19]研究发现，镰刀菌属对二年生的五味子造成严重的茎基腐病病害，会在生产上造成严重的经济损失。刘西莉等^[20]研究发现，镰刀菌可引起严重的根腐病，直接影响麻黄的产量和品质。Chen 等^[21]、Wu 等^[22]研究发现，连作太子参根际土壤随着连作年限增加，致病菌镰刀菌数量增高，酚酸混合物可促进镰刀菌菌丝和孢子生长。说明镰刀菌属是引起太子参连作效应的一类致病真菌。如表 3 所示，5 个地区

均含有镰刀菌属，但每个地区的镰刀菌丰度有所差别，其中Ⅳ样地的镰刀菌丰度最高，其后依次为Ⅱ、Ⅰ、Ⅴ，Ⅲ样地的镰刀菌丰度最低，且每个样地的镰刀菌含量与其根际土壤其他微生物物种数呈反比，暗示镰刀菌影响太子参根际土壤其他微生物物种数组成，响应太子参的连作效应。赤霉菌属是玉米、水稻和小麦等禾本科植株的主要致病真菌，可导致作物严重减产^[23]。目前太子参的连作过程中关于赤霉菌的研究较少，对引起太子参连作效应的致病真菌应引起关注。被孢霉属 (*Mortierella*) 和腐质霉属 (*Humicola*) 是一种常见的腐生真菌。稻曲菌属 (*Villosiclava*) 可侵染水稻小穗引起穗部病害^[24]。试验发现 5 个样地的差异性真菌属为毛壳菌属 (*Chaetomium*)、捷别尔达孢属 (*Teberdinia*)、*Sordariales_unclassified*、田头菇属 (*Agrocybe*)、稻曲菌属 (*Villosiclava*) 等。而在真菌菌属共变化网络中，核心菌属是捷别尔达孢属 (*Teberdinia*)、稻曲菌属 (*Villosiclava*)。说明差异菌属在太子参根际微生态环境中起到一定的作用。5 个样地太子参根际土壤细菌群落在“属”分类水平的前 20 种优势菌属中，酸杆菌门的酸杆菌 (*Gp1*、*Gp2*、*Gp3*)，可以降解植物残体多聚物，参与铁循环和光合作用等，是具有促进

作用潜力的一类菌^[25]。芽单孢菌属 (*Gemmatimonas*) 参与固氮过程^[26]。

植物根际微生物的群落构建受到根系分泌物、土壤化学性质等的影响^[27]。花生根系分泌物中的苯甲酸增加了根际土壤中伯克霍氏菌的相对丰度^[28]。Wu 等^[29]研究发现, 太子参根系分泌物酚酸和有机酸等物质对于其根际土壤微生物群落结构有重要影响。本研究中 5 个样地的太子参根际土壤微生物群落分布与根际土壤化学性质、根系分泌物酚酸类物质都有一定的相关性。有研究表明, 黏质沙雷氏菌可对太子参组培苗产生致害作用, 导致根部腐烂和叶片枯萎^[30]; 太子参根系分泌物酚酸类物质促进微生物病原菌黏质沙雷氏菌 (*Serratia marcescens*) 生长并使其成为优势菌^[31-32]。而此次的测序结果中并未检测到黏质沙雷氏菌, 这可能与不同地区的太子参根际土壤微生物存在差异有关。

综上所述, 植物根际微生物群落结构及多样性对植物的健康生长有着极其重要的作用。本文通过研究柘荣县 5 个样地的太子参根际土壤微生物群落结构及多样性, 发现不同样地微生物群落结构及组成丰度存在共性及差异性, 暗示真菌致病菌镰刀菌属等影响太子参根际土壤微生物结构组成及丰度多样性。同时, 太子参根际土壤微生物群落分布受到根际土壤化学性质及根系分泌物酚酸类物质的影响, 暗示太子参土壤连作效应很可能归因于根系分泌物参与调控根际微生物菌群结构和多样性演变, 导致病原菌增多。所得结果为后续连作太子参根际土壤微生物群落分布、太子参连作效应及相关根际致病菌的研究奠定了一定的工作基础。

参考文献:

- [1] 黄泽豪. 太子参 [J]. 生命世界, 2015 (10): 38-39.
HUANG Z H. *Pseudostellaria heterophylla* [J]. *LIFE WORLD*, 2015 (10): 38-39. (in Chinese)
- [2] 黄冬寿, 王树贵. 福建“柘荣太子参”栽培环境的道地性研究 [J]. 中国野生植物资源, 2010, 29 (2): 12-14.
HUANG D S, WANG S G. Research on planting environment of genuine *Pseudostellaria heterophylla* from Zherong, Fujian Province [J]. *Chinese Wild Plant Resources*, 2010, 29 (2): 12-14. (in Chinese)
- [3] 曾令杰, 林茂兹, 李振方, 等. 连作对太子参光合作用及药用品质的影响 [J]. 作物学报, 2012, 38 (8): 1522-1528.
ZENG L J, LIN M Z, LI Z F, et al. Effects of continuous cropping on photosynthesis and medicinal quality of *Pseudostellaria heterophylla* [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2012, 38 (8): 1522-1528. (in Chinese)
- [4] 张重义, 林文雄. 药用植物的化感自毒作用与连作障碍 [J]. 中国生态农业学报, 2009, 17 (1): 189-196.
ZHANG Z Y, LIN W X. Continuous cropping obstacle and allelopathic autotoxicity of medicinal plants [J]. *Chinese Journal of Eco-Agriculture*, 2009, 17 (1): 189-196. (in Chinese)
- [5] 陈建祥, 王飞, 左群, 等. 贵州省施秉县太子参生产存在问题与高产栽培关键技术 [J]. 农技服务, 2011, 28 (2): 231-232.
CHEN J X, WANG F, ZUO Q, et al. Shibing County, Guizhou Province *Radix pseudostellariae* produces have problem and high-yield culture key technology [J]. *Agricultural Technology Service*, 2011, 28 (2): 231-232. (in Chinese)
- [6] 林文雄, 熊君, 周军建, 等. 化感植物根际生物学特性研究现状与展望 [J]. 中国生态农业学报, 2007, 15 (4): 1-8.
LIN W X, XIONG J, ZHOU J J, et al. Research status and its perspective on the properties of rhizosphere biology mediated by allelopathic plants [J]. *Chinese Journal of Eco-Agriculture*, 2007, 15 (4): 1-8. (in Chinese)
- [7] 吴宗伟, 王明道, 刘新育, 等. 重茬地黄土壤酚酸的动态积累及其对地黄生长的影响 [J]. 生态学杂志, 2009, 28 (4): 660-664.
WU Z W, WANG M D, LIU X Y, et al. Phenolic compounds accumulation in continuously cropped *Rehmannia glutinosa* soil and their effects on *R. glutinosa* growth [J]. *Chinese Journal of Ecology*, 2009, 28 (4): 660-664. (in Chinese)
- [8] MCCULLY M. Rhizosphere allelopathy [J]. *Allelopathy Journal*, 2007, 19 (1): 75-84.
- [9] 陈军, 黄珊瑜, 刘冰, 等. 不同菌肥处理对太子参根际微生物群落的影响 [J]. 福建农业学报, 2015, 30 (12): 1171-1177.
CHEN J, HUANG S Y, LIU B, et al. Effects of microbial fertilizers on microbial community structure in *Radix pseudostellariae* Rhizosphere [J]. *Fujian Journal of Agricultural Sciences*, 2015, 30 (12): 1171-1177. (in Chinese)
- [10] 邹立思, 马阳, 侯娅, 等. 基于磷脂脂肪酸(PLFA)技术的不同产地太子参根际土壤微生物群落结构多样性分析 [J]. 中药材, 2018, 41 (5): 1054-1060.
ZOU L S, MA Y, HOU Y, et al. Analysis of diversity of microbial community in rhizosphere soil of *Pseudostellaria heterophylla* in different habitats based on phospholipid fatty acid(PLFA) [J]. *Journal of Chinese Medicinal Materials*, 2018, 41 (5): 1054-1060. (in Chinese)
- [11] 袁济端. 福建柘荣太子参基地土壤肥力状况评价 [J]. 福建热作科技, 2007, 32 (3): 3-7.
YUAN J D. An evaluation of the fertility of the soil for *Pseudostellaria heterophylla* falsestarwort at Zherong, fujain [J]. *Fujian Science & Technology of Tropical Crops*, 2007, 32 (3): 3-7. (in Chinese)
- [12] 陈雅涵, 谢宗强, 薛丽萍. 碳氮元素分析仪测试土壤与植物样品的流程优化 [J]. 现代化工, 2016, 36 (4): 185-187, 189.
CHEN Y H, XIE Z Q, XUE L P. Process optimization for measurements of soil and plant samples with carbon/nitrogen element analyzer [J]. *Modern Chemical Industry*, 2016, 36 (4): 185-187, 189. (in Chinese)
- [13] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 3版. 北京: 中国农业出版社, 2000: 36-148.
- [14] 曾豪杰, 刘宇, 祝建国, 等. 电感耦合等离子体发射光谱法测定土壤中铁、锌、铜、锰元素含量 [J]. 中兽医医药杂志, 2016, 35 (5): 45-47.
ZENG H J, LIU Y, ZHU J G, et al. Determination of Fe, Zn, Cu and

- Mn in Dawashan soils by inductively coupled plasma-atomic emission spectrometry [J]. *Journal of Traditional Chinese Veterinary Medicine*, 2016, 35 (5) : 45–47. (in Chinese)
- [15] 吴丹, 赵立, 庞文生, 等. 太子参根际土壤酚酸类自毒物质的分析测定 [J]. *中国民族民间医药*, 2017, 26 (24) : 32–34.
- WU D, ZHAO L, PANG W S, et al. Analysis and determination of phenolic acid self-toxic substances in rhizosphere soil of *Radix pseudostellariae* [J]. *Chinese Journal of Ethnomedicine and Ethnopharmacy*, 2017, 26 (24) : 32–34. (in Chinese)
- [16] 吴红森, 林文雄. 药用植物连作障碍研究评述和发展透视 [J]. *中国生态农业学报(中英文)*, 2020, 28 (6) : 775–793.
- WU H M, LIN W X. A commentary and development perspective on the consecutive monoculture problems of medicinal plants [J]. *Chinese Journal of Eco-Agriculture*, 2020, 28 (6) : 775–793. (in Chinese)
- [17] HU J, PANG W S, CHEN J L, et al. Hypoglycemic effect of polysaccharides with different molecular weight of *Pseudostellaria heterophylla* [J]. *BMC Complementary and Alternative Medicine*, 2013, 13 (1) : 1–9.
- [18] 赵庆芳, 周紫鹏, 王树红, 等. 7种植物对黄芩根腐病原菌的抑制作用研究 [J]. *西北师范大学学报(自然科学版)*, 2009, 45 (5) : 92–95.
- ZHAO Q F, ZHOU Z J, WANG S H, et al. Study on the inhibition effects of 7 kinds of plant to the growth of *Astragalus membranaceus* root rot fungi [J]. *Journal of Northwest Normal University (Natural Science)*, 2009, 45 (5) : 92–95. (in Chinese)
- [19] 薛彩云, 严雪瑞, 林天行, 等. 五味子茎基腐病发生初报 [J]. *植物保护*, 2007 (4) : 96–99.
- XUE C Y, YAN X R, LIN T X, et al. A preliminary report on occurrence of *Schisandra* berry stalk rot [J]. *Plant Protection*, 2007 (4) : 96–99. (in Chinese)
- [20] 朱春雨, 刘西莉, 董瑾, 等. 麻黄根腐病原物的分离及鉴定 [J]. *植物病理学报*, 2003 (3) : 193–197.
- ZHU C Y, LIU X L, DONG J, et al. Isolation and identification of the pathogens causing root rot disease of Chinese *Ephedra* [J]. *Acta Phytopathologica Sinica*, 2003 (3) : 193–197. (in Chinese)
- [21] CHEN J, WU L K, XIAO Z G, et al. Assessment of the diversity of *Pseudomonas* spp. and *Fusarium* spp. in *Radix pseudostellariae* rhizosphere under monoculture by combining dgge and quantitative per [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2017, 8: 1748.
- [22] WU L K, CHEN J, WU H M, et al. Insights into the regulation of rhizosphere bacterial communities by application of bio-organic fertilizer in *Pseudostellaria heterophylla* monoculture regime [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2016, 7: 1788.
- [23] DE FERRIGO D, MONDIN M, LADURNER E, et al. Effect of seed biopriming with *Trichoderma harzianum* strain INAT11 on *Fusarium* ear rot and *Gibberella* ear rot diseases [J]. *Biological Control*, 2020, 147: 104286.
- [24] 胡贤锋, 王健, 李明, 等. 水稻稻曲病菌侵染行为的研究现状及展望 [J]. *河南农业科学*, 2020, 49 (7) : 1–7.
- HU X F, WANG J, LI M, et al. Progress and perspective of infection behavior of *Ustilagoideae virens* [J]. *Journal of Henan Agricultural Sciences*, 2020, 49 (7) : 1–7. (in Chinese)
- [25] 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.
- WANG G H, LIU J J, YU Z H, et al. Research progress of *Acidobacteria* ecology in soils [J]. *Biotechnology Bulletin*, 2016, 32 (2) : 14–20. (in Chinese)
- [26] 徐志霞, 王璇, 李慧敏, 等. 不同林龄木麻黄林地土壤细菌及与土壤因子的相关性分析 [J]. *基因组学与应用生物学*, 2018, 37 (2) : 780–788.
- XU Z X, WANG X, LI H M, et al. Correlative analysis of soil factors and soil bacteria in *Casuarina equisetifolia* woodlands at different stand ages [J]. *Genomics and Applied Biology*, 2018, 37 (2) : 780–788. (in Chinese)
- [27] 葛艺, 徐绍辉, 徐艳. 根际微生物组构建的影响因素研究进展 [J]. *浙江农业学报*, 2019, 31 (12) : 2120–2130.
- GE Y, XU S H, XU Y. Review on influencing factors of rhizosphere microbiome assemblage [J]. *Acta Agriculturae Zhejiangensis*, 2019, 31 (12) : 2120–2130. (in Chinese)
- [28] LIU J G, LI X G, JIA Z J, et al. Effect of benzoic acid on soil microbial communities associated with soilborne peanut diseases [J]. *Applied Soil Ecology*, 2017, 110: 34–42.
- [29] WU H M, QIN X J, WANG J Y, et al. Rhizosphere responses to environmental conditions in *Radix pseudostellariae* under continuous monoculture regimes [J]. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 2019, 270/271: 19–31.
- [30] 高慧芳, 彭晓倩, 李赣新, 等. 太子参根际土壤中群体感应产生菌与淬灭菌筛选、鉴定及对太子参生长的影响 [J]. *中国科技论文在线*, 2016, 9 (2) : 1–8.
- GAO H F, PENG X Q, LI G X, et al. Screening and identification of quorum sensing and quorum quenching bacteria of *Pseudostellaria heterophylla* in rhizosphere soil and their effects on the growth of *Pseudostellaria heterophylla* [J]. *Sciencepaper Online*, 2016, 9 (2) : 1–8. (in Chinese)
- [31] 高慧芳, 彭晓倩, 郭泽望, 等. 太子参连作过程根系分泌物中酚酸类物质的测定及其对黏质沙雷氏菌生长的影响 [J]. *中国科技论文在线*, 2017, 1 (3) : 1–7.
- GAO H F, PENG X Q, GUO Z W, et al. Assay of phenolic acid from root exudates during continuous cropping process of *Pseudostellaria heterophylla* and their effects on the growth of *Serratia marcescens* from rhizosphere soil [J]. *Sciencepaper Online*, 2017, 1 (3) : 1–7. (in Chinese)
- [32] ZHANG L Y, GUO Z W, GAO H F, et al. Interaction of *Pseudostellaria heterophylla* with quorum sensing and quorum quenching bacteria mediated by root exudates in a consecutive monoculture system [J]. *Journal of Microbiology and Biotechnology*, 2016, 26 (12) : 2159–2170.

(责任编辑：黄爱萍)