

番茄嫁接对设施连作下根际微生物群落的影响

张泽锦^{1,2,3}, 梁颖^{1,2,3}, 唐丽^{1,2,3}, 唐世军⁴, 吴霞⁴

(1. 四川省农业科学院园艺研究所 成都 610066; 2. 农业农村部西南地区园艺作物生物学与种质创制重点实验室 成都 610066; 3. 四川省蔬菜工程技术研究中心 四川彭州 611934; 4. 德阳市罗江区农业农村局 四川德阳 618500)

摘要: 为了研究番茄嫁接对设施连作下根际微生物群落的影响, 为防治设施连作障碍提供理论依据, 以宝石捷 913 为接穗, 砧木二号为砧木, 种植于设施连作土壤中, 设置嫁接和自根 2 个处理, 对番茄嫁接和自根处理植株根际土壤微生物进行高通量测序, 比较分析番茄不同处理根际土壤细菌和真菌的群落组成。结果表明, 嫁接后番茄根际细菌的丰富度指数 Chao 1 和 Observed Species 显著低于自根苗的根际土壤, 但对描述多样性的 Shannon 和 Simpson 指数无显著影响, 对根际真菌的微生物多样性和丰富度指标均无显著影响; 番茄嫁接后, 改变了设施连作土壤中根际微生物群落组成, 黄杆菌属(*Luteibacter*)、JG30-KF-AS9、长微菌属(*Longimicrobium*)、小肽菌属(*Micropepsis*)的相对丰度显著高于自根处理; 戴氏菌属(*Dyella*)、独岛杆菌属(*Dokdonella*)、MND1、蒂斯特拉菌属(*Tistrella*)、土壤小杆菌属(*Edaphobaculum*)、不黏柄菌属(*Asticcacaulis*)的相对丰度显著低于自根处理。在真菌中, 瓶梗青霉属(*Phialemonium*)、腐质霉属(*Humicola*)、念珠菌属(*Candida*)、裸囊菌属(*Gymnoascus*)、白鬼伞属(*Leucocoprinus*)的相对丰度显著高于自根处理; 镰刀菌属(*Fusarium*)、枝顶孢属(*Acremonium*)、亡革菌属(*Thanatephorus*)、新胶鼓菌属(*Neobulgaria*)、肉座菌属(*Hypomyces*)的相对丰度显著低于自根处理。综合分析, 枯萎病致病菌镰刀菌属(*Fusarium*)、亡革菌属(*Thanatephorus*)的相对丰度下降, 有益细菌长微菌属(*Longimicrobium*)相对丰度增高是番茄嫁接后抗性增强、能有效防治设施土壤连作障碍的原因之一。

关键词: 番茄; 嫁接; 设施连作; 根际微生物群落

中图分类号: S641.2

文献标志码: A

文章编号: 1673-2871(2026)09-158-09

Effects of tomato grafting on rhizosphere microbial community under facility continuous cropping

Zhang Zejin^{1,2,3}, Liang Ying^{1,2,3}, Tang Li^{1,2,3}, Tang Shijun⁴, Wu Xia⁴

(1. Horticulture Research Institute, Sichuan Academy of Agricultural Sciences, Chengdu 610066, Sichuan, China; 2. Key Laboratory of Horticultural Crop Biology and Germplasm Enhancement in Southwest, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Chengdu 610066, Sichuan, China; 3. Sichuan Province Engineering Technology Research Center of Vegetables, Pengzhou 611934, Sichuan, China; 4. Luojiang District Agricultural and Rural Bureau of Deyang, Deyang 618500, Sichuan, China)

Abstract: To investigate the effects of tomato grafting on rhizosphere microbial community under facility continuous cropping, and to provide a theoretical basis for the prevention and control of continuous cropping obstacles, this study used Gemje-913 as the scion and Zhenmu No. 2 as the rootstock. Two treatments, grafting and self-rooting, were set up in continuously cropped facility soil. High-throughput sequencing technology was employed to comparatively analyze the community composition of bacteria and fungi in rhizosphere soil under the two treatments. The results showed that under the grafting treatment, the richness indexes Chao 1 and Observed Species of bacteria were significantly lower than those under the self-rooted treatment, while the diversity indexes of Shannon and Simpson showed no significant differences. For rhizosphere fungi, neither microbial diversity nor richness indexes were significantly affected by grafting. In terms of community composition, after grafting, the relative abundances of the genera *Luteibacter*, *JG30-KF-AS9*, *Longimicrobium*, and *Micropepsis* were higher than those in the self-rooting treatment, whereas the relative abundances of *Dyella*, *Dokdonella*, *MND1*, *Tistrella*, *Edaphobaculum*, and *Asticcacaulis* were lower. Among fungi, the grafting treatment increased

收稿日期: 2025-08-25; 修回日期: 2026-05-27

基金项目: 四川省蔬菜创新团队(SCCXTD-2024-5)

作者简介: 张泽锦, 男, 副研究员, 主要从事蔬菜栽培技术研究和推广工作。E-mail: zezhang@hotmail.com

通信作者: 唐丽, 女, 研究员, 主要从事蔬菜栽培技术研究和推广工作。E-mail: tangli-999@163.com

the relative abundances of *Phialemonium*, *Humicola*, *Candida*, *Gymnoascus*, and *Leucocoprinus*, while decreasing the relative abundances of *Fusarium*, *Acremonium*, *Thanatephorus*, *Neobulgaria*, and *Hypomyces*. Collectively, these findings indicate that grafting reduced the relative abundances of the pathogenic fungi *Fusarium* and *Thanatephorus*, which are associated with *Fusarium* wilt, while increasing the relative abundance of the beneficial bacteria *Longimicrobium* increased. This may be one of the reasons why grafting enhances tomato resistance and could effectively alleviates continuous cropping obstacles in facility soil.

Key words: Tomato; Grafting; Facility continuous cropping; Rhizosphere microbial community

番茄是全球广泛种植的重要大宗蔬菜之一,其设施连作栽培模式在提高产量的同时,也面临着土传病害频发、土壤微生物群落结构失衡等连作障碍问题。除了番茄、茄子及辣椒等茄果类作物外,设施连作障碍也是西瓜、甜瓜及黄瓜等设施主要作物生产中面临的主要问题。嫁接作为一种有效应对连作障碍的农业技术手段,已广泛应用于提高作物对土传病害的抗性,提升作物产量。前期研究表明,嫁接不仅能够显著提高番茄对青枯病等土传病害的抗性^[1],还能通过改变根系分泌物的成分和数量,影响根际微生物群落的结构和功能多样性^[2]。嫁接可以通过改变根际微生物群落结构来提高番茄的抗病性。刘斯晗等^[3]通过研究两种高抗青枯病砧木和高感青枯病番茄的砧穗嫁接苗,发现嫁接可以显著提高根际微生物的多样性,特别是增加了变形菌门和拟杆菌门的细菌物种。此外,朱瑜等^[4]也通过高通量测序技术,对比了不同砧木嫁接番茄的根际微生物群落,发现嫁接植株的根际微生物 OTU 数量显著增加,且在门分类水平上,放线菌门和厚壁菌门的细菌丰度占比更高。吴凤芝等^[5]通过研究不同枯萎病抗性西瓜品种自根苗、嫁接苗和砧木不同生育期根际土壤微生物数量及群落结构的变化,发现嫁接提高了感病品种根际土壤细菌、放线菌等微生物数量,枯萎病菌的积聚得到了抑制。根系分泌物是植物与根际微生物相互作用的重要媒介,其成分和含量的变化直接影响根际微生物的种类和数量,根系分泌物在调节根际微生物群落中发挥着重要作用。宋阳^[6]通过研究嫁接西瓜的根系分泌物特征,发现嫁接显著提高了根系分泌物中低分子物质的香农指数和丰富度,以及一些与生物非生物胁迫抗性有关的蛋白含量。同样,刘斯晗等^[3]也通过 GC-MS 技术对接种青枯菌后的植株根系分泌物进行组分鉴定分析,筛选新的抗病活性物质。此外,尧甜^[7]通过研究甘氨酸对嫁接西瓜根系分泌和根际微生物的影响,发现甘氨酸能增加嫁接西瓜苗根系分泌物的种类和数量,从而改善土壤理化性质。袁飞^[8]通过研究嫁接冬瓜提高枯萎病抗性的化感机

制,发现嫁接冬瓜植株的根系分泌物和土壤浸提液对枯萎病菌菌丝生长有显著的化感抑制效果。同样,韦利娜^[9]通过研究抗病砧木根系分泌物对嫁接甜瓜抗枯萎病的影响,发现嫁接显著增加了植株根际微生物的数量,改善了嫁接植株的微生物环境。虽然前人就番茄嫁接开展了相关研究,但不同地区土传病害不同,其嫁接效果也不同,针对西南设施主产区在设施连作条件下土壤微生物群落的相关研究仍鲜见报道。

为此,笔者选用在设施番茄生产中抗土传病害较好的番茄砧木,基于高通量测序技术系统分析长期设施连作土壤下嫁接对番茄植株根际土壤细菌和真菌群落组成的影响,围绕其特异性,探究致病菌与有益菌的协同作用,进一步阐明嫁接提高番茄抗病性的原理,以期设施番茄防治土传病害提供参考。

1 材料与方法

1.1 材料

番茄品种为宝石捷 913,购自荣县双怀蔬菜种植家庭农场;嫁接苗砧木为砧木二号(广州亚蔬园艺种苗有限公司),抗枯萎病、青枯病、南方根结线虫等土传病害,购自武汉满丰收农资有限公司。

1.2 土壤采样地点

土壤采样在自贡市荣县鼎新镇设施蔬菜种植基地进行,该基地进行设施番茄连作 13 a(年)以上,土壤采样大棚已连续多年出现自根苗大面积死亡、嫁接苗无死亡现象。

1.3 试验设计

2025 年 2—6 月在四川省农业科学园园艺研究所狮子山科研园塑料大棚内进行盆栽试验,定植盆高度 21 cm、直径 21 cm,定植盆内装自贡采样土壤。设置 2 个处理,JJ:砧木二号×宝石捷 913 嫁接植株;ZG:宝石捷 913 自根植株。待接穗幼苗长至 2 叶 1 心时采用劈接法嫁接。每个处理设置 3 个重复,每个重复种植 10 株,番茄生长采用常规管理方法,采用滴灌自动供给水肥,营养液参照霍格兰德

营养液配方配比。

番茄植株定植 60 d 后,参照朱瑜等^[4]的方法,采集根际土壤样品,于-80℃冰箱中保存备用。

1.4 根际土壤微生物群落分析

1.4.1 土壤细菌微生物群落分析 有以下几项内容。

(1)DNA 抽提和 PCR 扩增

样本的基因组 DNA 按照 MagPure Soil DNA LQ Kit (Magan) 试剂盒说明书提取。扩增 16SrRNA 基因的 V3~V4 可变区,采用通用引物 343F (5'-TACGRAGGCAG-3') 和 798R (5'-AGGG-TATCTAATCCT-3') 扩增。

(2)文库构建和测序

PCR 扩增产物使用琼脂糖凝胶电泳检测。使用 Illumina NovaSeq 6000 测序平台进行测序,并生成 250 bp 双端 reads。

(3)生物信息学分析

原始双端测序序列首先使用 Trimmomatic 软件进行质控,去除接头污染及低质量碱基。随后,利用 FLASH 软件对质控后的高质量序列进行双端拼接。拼接完成后,采用 UCHIME 软件检测并去除序列中的嵌合体。经上述预处理获得有效序列后,使用 VSEARCH 软件基于 97% 的序列相似度阈值将序列聚类为操作分类单元 (operational taxonomic units, OTU)。选取各 OTU 的代表序列,通过 QIIME 软件包与 SILVA 数据库 (v 138) 进行比对,并利用 RDP Classifier 进行物种分类注释,保留置信度阈值 (confidence threshold) 大于 0.7 的注释结果。

1.4.2 土壤真菌微生物群落分析 有以下几项内容。

(1)DNA 提取和 PCR 扩增

样本的基因组 DNA 采用 MagPure Soil DNA LQ Kit (Magan) 试剂盒提取。利用通用引物 ITS1F (5'-CTTGGTCATTAGAGGAAGTAA-3') 和 ITS2 (5'-GCTGCGTTCTTCATCGATGC-3') 扩增 ITS 基因 ITS1 可变区。

(2)文库构建和测序

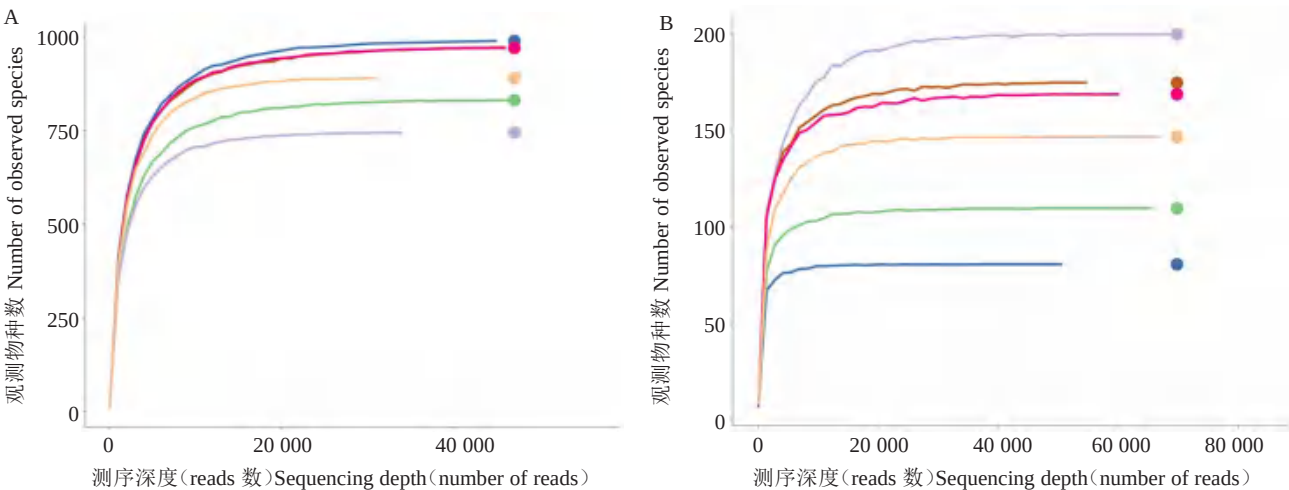
PCR 扩增产物使用电泳检测。使用 Illumina NovaSeq 6000 测序平台进行测序,并生成 250 bp 双端 reads。

(3)生物信息学分析

利用 Cutadapt 软件对原始数据序列进行引物序列的剪切处理。采用 DADA2 对上一步合格的双端原始数据进行质量过滤和降噪,具体按照 QIIME 2 (2020.11) 的默认参数执行。通过拼接和去除嵌合体等质控分析,生成代表序列及 ASV 丰度表。每个 ASV 的代表序列在使用 QIIME2 软件包选中后,所有的代表序列都会与 Unite 资料库进行比对并得到注解。物种比对分析注释使用 q2 - feature - classifier 软件默认的参数。ASV 以及多样性指数稀释曲线见图 1,可以看出,测序深度满足微生物多样性分析需求。

1.5 数据分析

采用 QIIME 软件进行 Alpha 和 Beta 多样性分析。利用 R 计算 unweighted uniFrac 距离矩阵,然后采用主坐标分析 (PCoA) 评估样本的 Beta 多样



注:棕色、红色、蓝色表示自根苗根际土的 3 个重复;橙色、绿色、紫色表示嫁接苗根际土的 3 个重复。

Note: Brown, red and blue represent three replicates of rhizosphere soil of self-rooted seedlings; orange, green, and purple are three replicates representing the rhizosphere soil of grafted seedlings.

图 1 细菌(A)和真菌(B)ASV 及多样性指数稀释曲线

Fig. 1 ASV and diversity index dilution curves of bacteria (A) and fungi (B)

性。基于 R 包,采用 *T*-test 统计算法,对细菌和真菌属水平差异物种丰度前 10 的物种进行相对丰度差异分析。

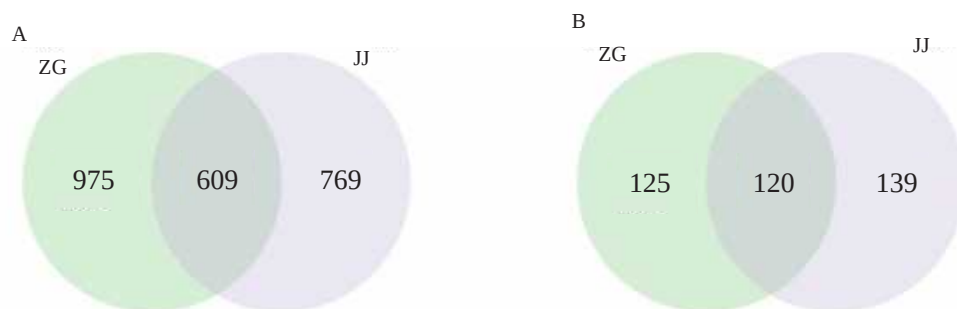
2 结果与分析

2.1 对根际土壤微生物群落的影响

分析不同样品(组)之间共有、特有的 OTU 和 ASV 个数,绘制韦恩图,了解每个样本 OTU 和 ASV 个数及样本之间共有 OTU 和 ASV 个数。由

图 2 可以看出,自根番茄根际和嫁接番茄根际细菌共有 609 个 OTU 相同,自根番茄根际和嫁接根际细菌独有的 OTU 个数分别是 975 和 769 个;自根番茄根际和嫁接番茄根际真菌共有 120 个 ASV 相同,独有的 ASV 个数分别是 125 个和 139 个。

由图 3 可以看出,设施连作根际土壤中有罗河杆菌属(*Rhodanobacter*)、黄杆菌属(*Luteibacter*)、假拉布里斯菌属(*Pseudolabrys*)、戴氏菌属(*Dyella*)、链霉菌属(*Streptomyces*)、普伊亚菌属(*Puia*)、东亚



注:ZG 表示自根苗根际土,JJ 表示嫁接苗根际土。下同。

Note: ZG represents the rhizosphere soil of self-rooted seedlings, JJ represents the rhizosphere soil of grafted seedlings. The same below.

图 2 嫁接和自根番茄根际土壤细菌(A)OTU 和真菌(B)ASV 韦恩图

Fig. 2 Bacteria (A) OTU and fungi (B) ASV Venn diagram of rhizosphere soil of grafted and own-rooted tomatoes

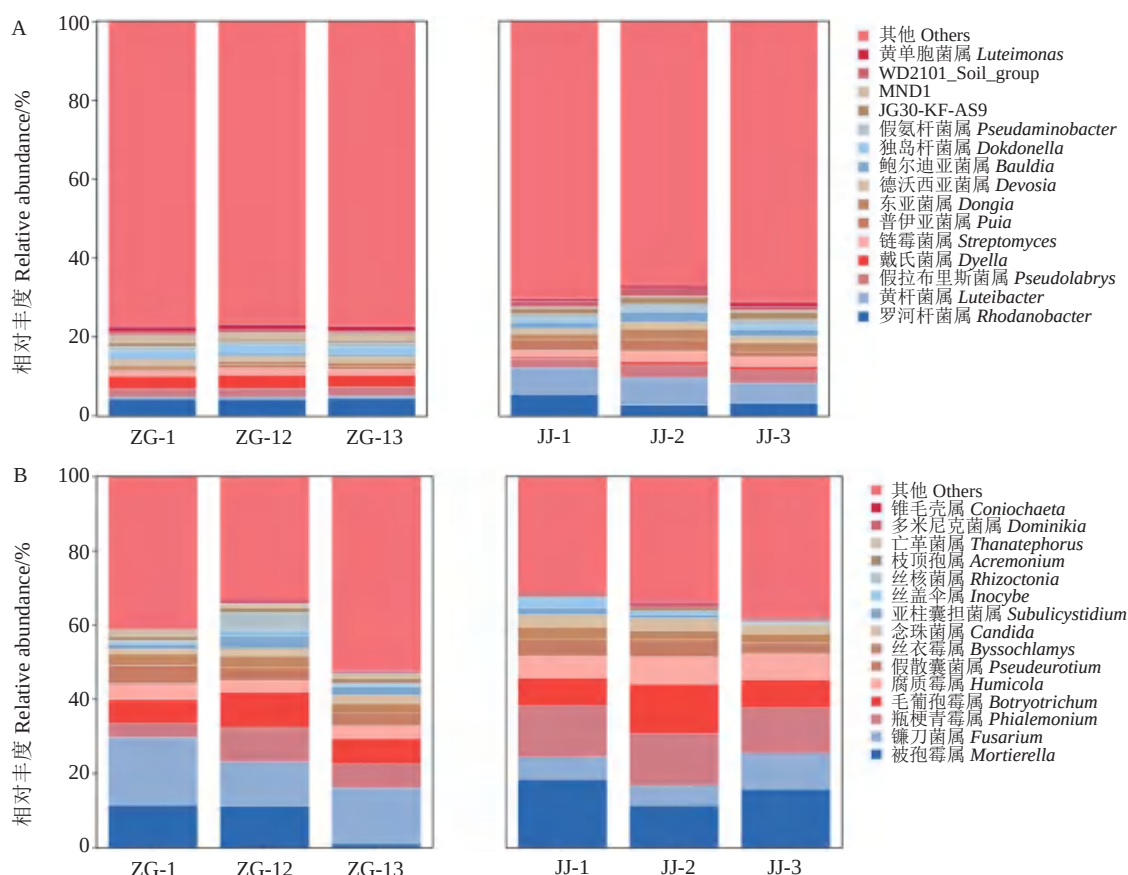


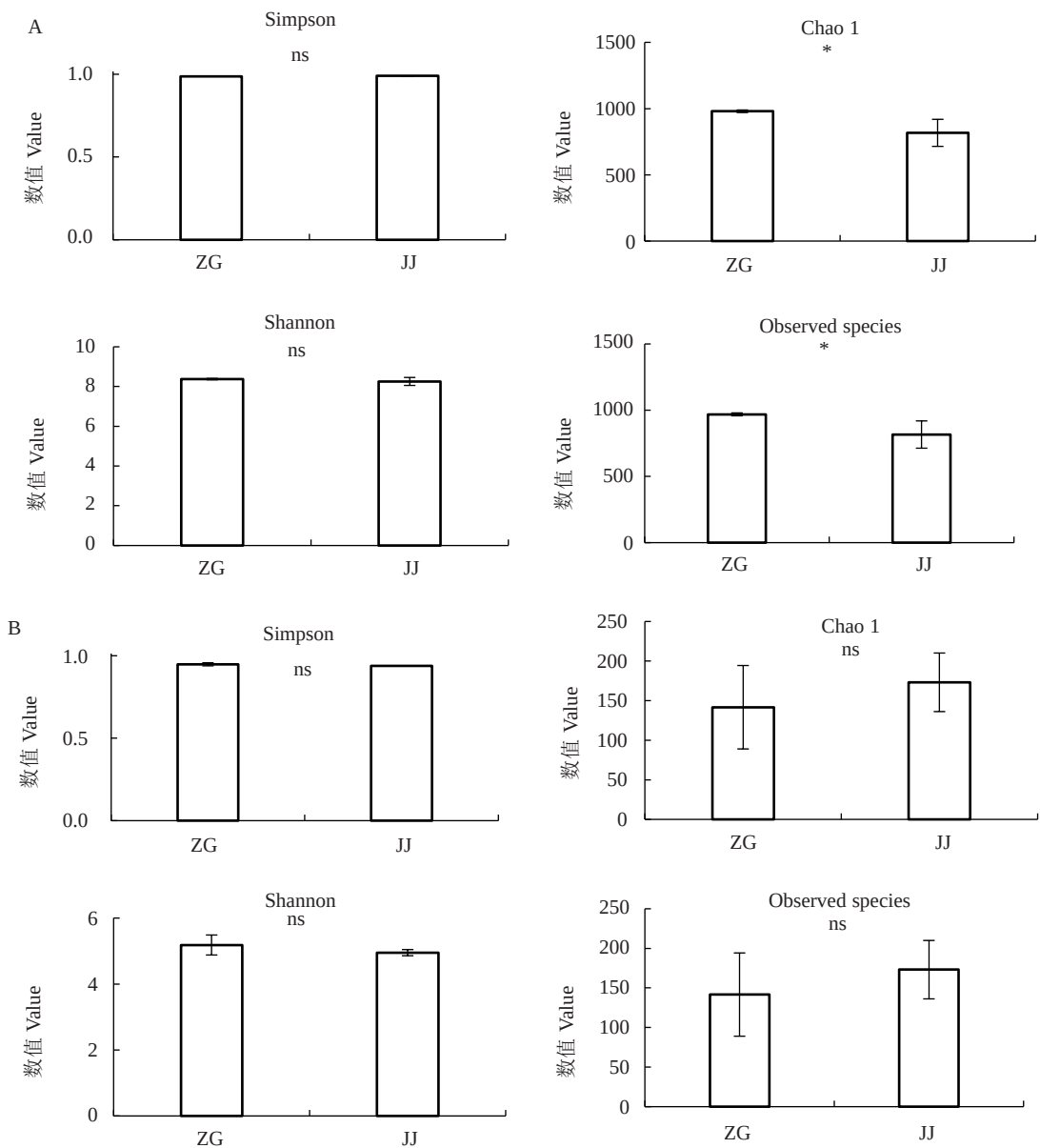
图 3 根际土壤中的细菌(A)和真菌(B)群落组成

Fig. 3 The community composition of bacteria (A) and fungi (B) in rhizosphere soil

菌属(*Dongia*)、德沃西亚菌属(*Devosia*)、鲍尔迪亚菌属(*Bauldia*)、独岛杆菌属(*Dokdonella*)、假氨杆菌属(*Pseudaminobacter*)等属的细菌相对丰度较高;被孢霉属(*Mortierella*)、镰刀菌属(*Fusarium*)、瓶梗青霉属(*Phialemonium*)、毛葡萄霉属(*Botryotrichum*)、腐质霉属(*Humicola*)、假散囊菌属(*Pseudeurotium*)、丝衣霉属(*Byssoschlamys*)、念珠菌属(*Candida*)、亚柱囊担菌属(*Subulicystidium*)、丝盖伞属(*Inocybe*)等属的真菌相对丰度较高。自根和嫁接处理的根际土壤均包含以上细菌和真菌群落,只是不同菌群的相对丰度有所不同。

2.2 对 Alpha 多样性和 Beta 多样性的影响

2.2.1 Alpha 多样性 Alpha 多样性指数主要用于分析反映生物环境内物种的多样性程度,Observed Species 和 Chao 1 指数描述丰富度,Shannon 和 Simpson 指数描述多样性。由图 4 可以看出,自根和嫁接的番茄根际土壤的细菌和真菌 Simpson 和 Shannon 指数无显著差异,说明嫁接对根际土壤微生物多样性无显著影响。嫁接后细菌的 Chao 1 和 Observed Species 指数均显著低于自根苗的根际土壤,说明嫁接显著降低了细菌的丰富度,但对真菌的丰富度无显著影响。



注:*表示在 0.05 水平差异显著,ns 表示无显著差异。

Note: * indicates a significant difference at 0.05 level, ns indicates no significant difference.

图 4 嫁接对土壤细菌(A)和真菌(B)Alpha 多样性的影响

Fig. 4 Effects of grafting on Alpha diversity of soil bacteria (A) and fungi (B)

2.2.2 Beta 多样性 Beta 多样性是生境间的多样性程度指标。图 5 中的 R^2 表示差异解释度,值越大则解释度越高; $P<0.05$ 则认为差异显著。采用 Bray-Curtis 相似性指数,观察到自根和嫁接之间细菌

($P=0.1$)和真菌($P=0.1$)的 Beta 多样性不存在显著差异。Adonis 统计数据显示,在细菌分析中 R^2 值较高,为 0.77;在真菌分析中 R^2 值为 0.50。以上结果说明,嫁接对根际生境多样性无显著影响。

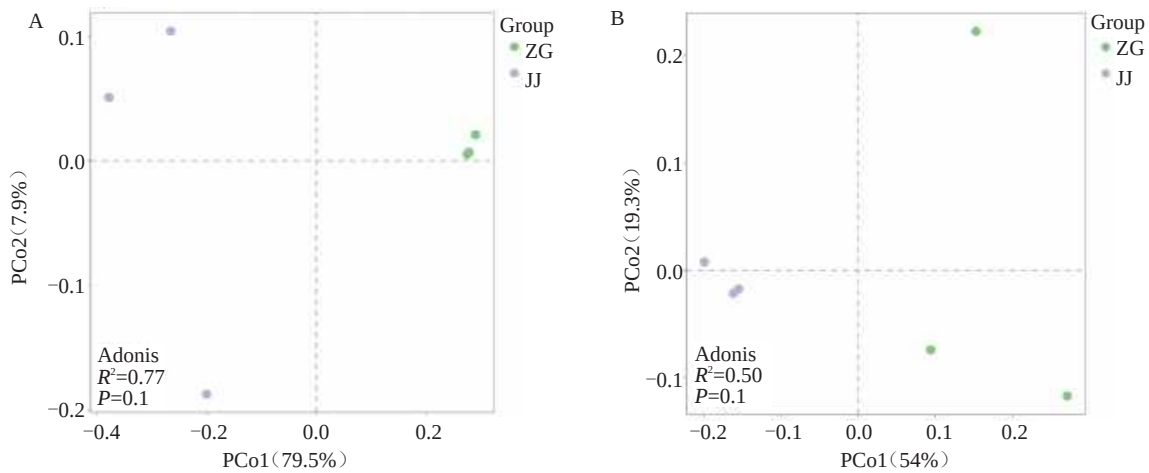


图 5 嫁接番茄根际土壤细菌(A)和真菌(B)Beta 多样性的 PCoA 分析
Fig. 5 PCoA analysis of Beta diversity of soil rhizosphere bacteria (A) and fungi (B) by grafted tomatoes

2.3 根际差异微生物的筛选

2.3.1 随机森林分析 对不同处理根际土壤细菌和真菌物种进行随机森林分析,从上到下,物种对模型的重要性依次递减;可认为这些重要性靠前的物种是不同处理间差异的标志物种。由图 6 可以看出,嫁接和自根番茄根际土壤中细菌差异标志物种按差异重要程度从大到小分别有戴氏菌属(*Dyella*)、土壤小杆菌属(*Edaphobaculum*)、黄杆菌属(*Luteibacter*)、独岛杆菌属(*Dokdonella*)、不黏柄菌属(*Asticcacaulis*)、MND1、蒂斯特拉菌属(*Tistrella*)、小肽菌属(*Micropepsis*)等属;真菌按差异重要

程度从大到小贡献分别有裸囊菌属(*Gymnascus*)、白鬼伞属(*Leucocoprinus*)、亡革菌属(*Thanatephorus*)、枝顶孢属(*Acremonium*)、念珠菌属(*Candida*)、腐质霉属(*Humicola*)、新胶鼓菌属(*Neobulgaria*)、瓶梗青霉属(*Phialemonium*)、镰刀菌属(*Fusarium*)等属。

2.3.2 差异微生物筛选 图 7 中显示有显著差异的前 10 个属的相对丰度(Kruskal-Wallis, $P<0.05$)。结果发现,嫁接后根际细菌中黄杆菌属(*Luteibacter*)、JG30-KF-AS9、长微菌属(*Longimicrobium*)、小肽菌属(*Micropepsis*)的相对丰度显

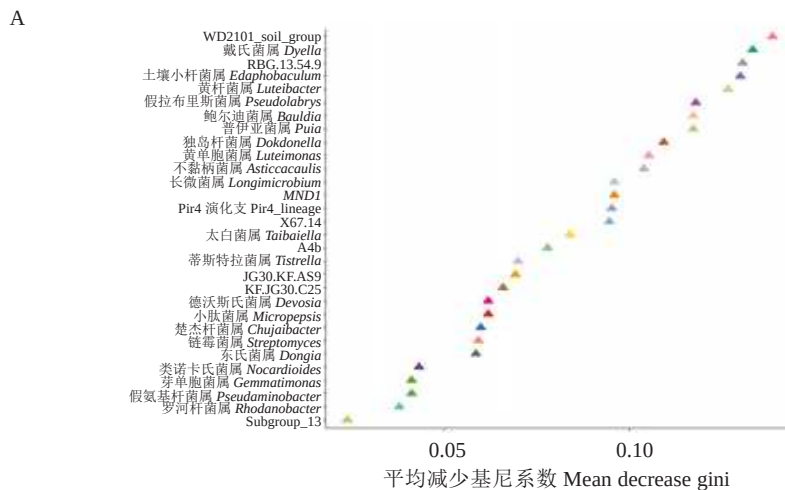


图 6 根际土壤细菌(A)和真菌(B)随机森林分析
Fig. 6 Random forest analysis of rhizosphere soil bacteria (A) and fungi (B)

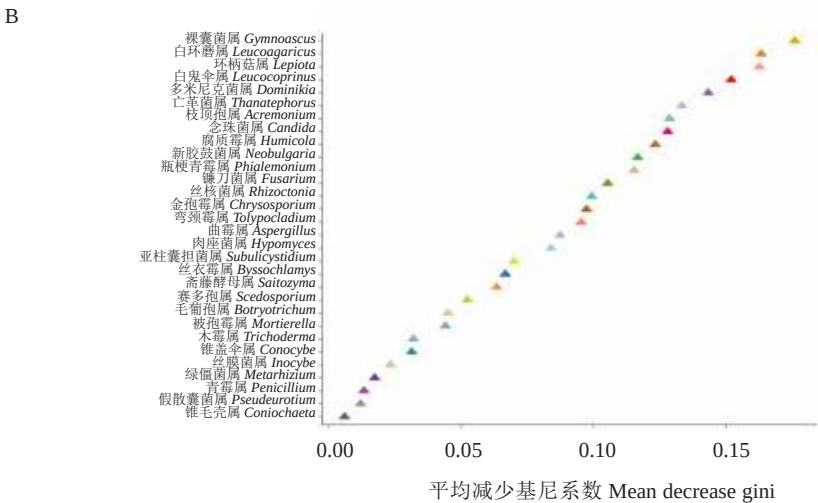


图 6 (续)
Fig. 6 (continued)

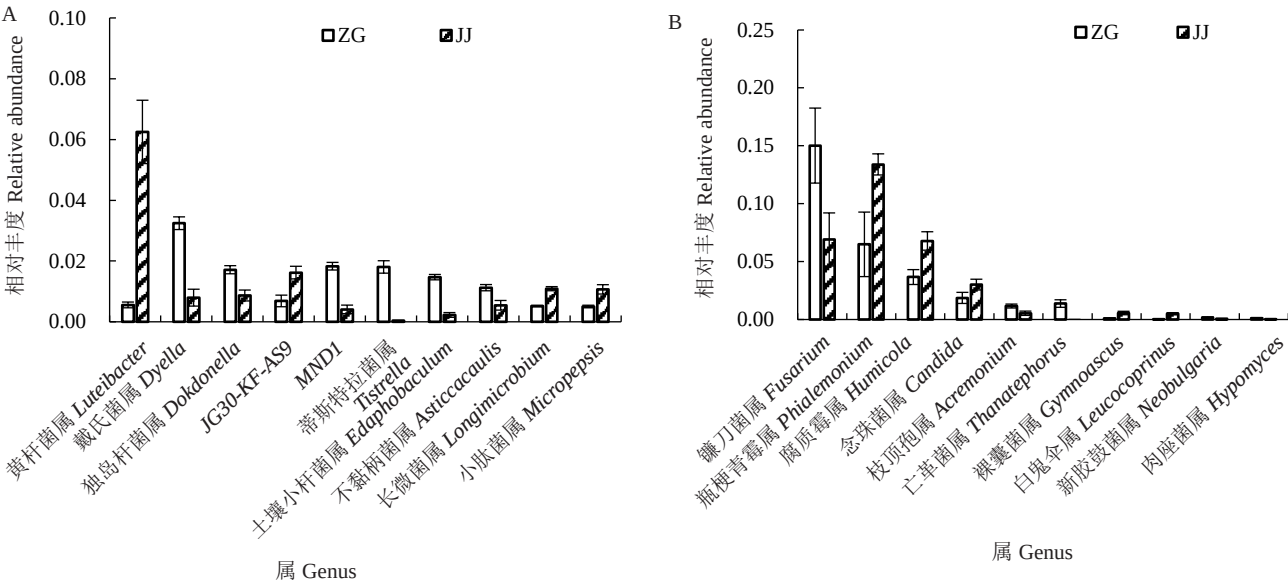


图 7 差异最大的 10 个细菌(A)和真菌(B)属
Fig. 7 The 10 genera of bacteria (A) and fungi (B) with the greatest difference

著高于自根处理；戴氏菌属(*Dyella*)、独岛杆菌属(*Dokdonella*)、MND1、蒂斯特拉菌属(*Tistrella*)、土壤小杆菌属(*Edaphobaculum*)、不黏柄菌属(*Asticcacaulis*)的相对丰度显著低于自根处理。在真菌中，瓶梗青霉属(*Phialemonium*)、腐质霉属(*Humicola*)、念珠菌属(*Candida*)、裸囊菌属(*Gymnoascus*)、白鬼伞属(*Leucocoprinus*)的相对丰度显著高于自根处理；镰刀菌属(*Fusarium*)、枝顶孢属(*Acremonium*)、亡革菌属(*Thanatephorus*)、新胶鼓菌属(*Neobulgaria*)、肉座菌属(*Hypomyces*)的相对丰度显著低于自根处理，特别是亡革菌属(*Thanatephorus*)在嫁接根际土壤

中未检出。

3 讨论与结论

设施土壤连作障碍已经成为限制设施蔬菜健康发展的主要问题，其主要原因之一就是长期连作导致土壤中有益微生物(如放线菌、某些真菌)的数量减少，而病原菌数量增加，导致土壤生态系统的平衡被打破。设施番茄连作 20 a 后，土壤中的放线菌数量显著减少，而病原真菌(如尖孢镰刀菌)的数量大幅增加^[10-11]，导致了植株遭受土传病害，最终导致产量下降。设施西瓜连作 10 a 也出现类似情况，真菌多样性指数显著降低，子囊菌门(含多种致病

菌)占比上升 10.96%,担子菌门等有益菌群占比下降 13.42%,土壤理化性质与酶活性同步恶化^[12]。本研究通过高通量的根际土壤微生物分析,发现设施连作土壤中存在镰刀菌属(*Fusarium*)、亡革菌属(*Thanatephorus*)等致病真菌,还有与致病真菌协同起作用的腐质霉属(*Humicola*)真菌等菌群,这类微生物与瓜类连作障碍发生的菌群特征吻合。镰刀菌属(*Fusarium*)真菌可引起番茄、香蕉及豇豆等作物枯萎病,水稻和玉米的苗枯病等,广泛分布于土壤中,是一类重要的植物病原真菌,是导致设施连作西瓜发生枯萎病的主要致病菌^[13-16]。亡革菌属(*Thanatephorus*)真菌可以引起西瓜、甜瓜的枯萎病^[17-18]。腐质霉属(*Humicola*)真菌在西瓜连作障碍土壤中的丰度比轮作系统高 1.8 倍,显示出其对连作环境的特殊适应性^[19],与镰刀菌属真菌通过促进彼此的生长、破坏土壤微生物群落平衡加剧了土传病害的风险。协同作用可能加剧土传病害风险^[20-22]。由本次根际微生物分析可以看出,未见番茄常见青枯病的致病青枯雷尔氏菌(*Ralstonia solanacearum*),设施土壤连作大棚内番茄死苗的原因是镰刀菌属(*Fusarium*)真菌引起的枯萎病。

土壤健康程度的一个重要指标是土壤微生物的多样性。番茄嫁接后细菌的丰富度指数 Chao 1 和 Observed Species 显著低于自根苗的根际土壤,但对描述多样性的 Shannon 和 Simpson 指数无显著影响;对根际真菌以上 4 个指标均无显著影响。这与嫁接后提高土壤 Alpha 微生物多样性有所不同^[23-24],原因可能是本研究采用土传病害发生严重的土壤进行试验,砧木根际分泌的化学物质可以抑制一部分真菌的生长,导致了细菌丰富度降低。虽然番茄嫁接后,在设施连作土壤中可以降低根际的微生物丰富度,但通过 Beta 多样性分析,发现对其生境多样性无显著影响,不会引起其他生态差异。

差异微生物主要是由嫁接后砧木与自根苗的根不同所导致的,不同根系分泌的化学物质对根际菌群组成造成了影响,可培养细菌数量增加,而真菌数量减少,有助于抑制病原菌的生长,从而降低土传病害的发生风险^[25]。本研究结果表明,番茄嫁接后,可以显著提高长微菌属(*Longimicrobium*)细菌相对丰度。*Longimicrobium* 可以改变土壤酸碱度,促进土壤肥力的提升和植物的养分吸收,通过改变根际微环境进而影响其他微生物的群落结构,通过分泌抗菌物质或竞争资源进而减少植物病害的发生^[26-29]。嫁接后能够显著降低土壤中致病菌镰

刀菌属(*Fusarium*)和亡革菌属(*Thanatephorus*)的相对丰度,特别是亡革菌属(*Thanatephorus*)在嫁接根际土壤中未检测到,说明砧木对此真菌有强烈的抑制作用。这与其他研究类似,嫁接显著减少了根际土壤中病原微生物的数量,如烟草和番茄根际土壤中镰刀菌属和赤霉菌属的丰度降低,从而减轻了土传病害的发生^[4,30]。此外,嫁接后根际土壤中腐质霉属(*Humicola*)真菌相对丰度有所升高,但从实际应用中可以看出,其协同致病能力有限,不足以导致番茄发病。由此可见,番茄嫁接通过重塑根际微生物群落结构,显著提升有益菌 *Longimicrobium* 属丰度,同时强力抑制镰刀菌属、亡革菌属(亡革菌未检出)等致病菌,这与西瓜、黄瓜嫁接防控连作障碍的核心机制一致:通过砧木调控根际微生态、富集生防菌、抑制病原菌,降低土传病害风险。

综上所述,在自贡地区,番茄采用砧木二号作为嫁接砧木可以降低番茄死苗率,能有效防控设施土壤中的土传病害,相比设施土壤消毒等手段,更简单易行,便于推广。通过番茄根际土壤细菌和真菌群落分析,发现在设施番茄生产的土壤采样点,枯萎病是导致番茄死苗的主要因素。番茄嫁接后,改变了设施连作土壤中根际微生物群落组成,提高了有益 *Longimicrobium* 属细菌相对丰度,降低了枯萎病致病菌镰刀菌属(*Fusarium*)、亡革菌属(*Thanatephorus*)的相对丰度,这是番茄嫁接后抗性增强且能有效防治设施土壤连作障碍的原因之一。本研究结果为西南地区设施蔬菜(含瓜类)连作障碍绿色防控提供了微生物层面的理论支持,也为砧木筛选与连作土壤改良提供了实践参考。

参考文献

- [1] 张泽锦,张河庆,曾玉清,等.不同土壤消毒剂和嫁接对设施番茄青枯病防治效果和土壤酶活性影响探究[J].四川农业科技,2023(1):36-39.
- [2] 赵文宗.嫁接番茄抗青枯病特性及根系分泌物质化感作用的研究[D].南宁:广西大学,2019.
- [3] 刘斯晗,郑旭阳,钟川,等.2种嫁接番茄根系分泌活性物质对番茄青枯病及根际微生物的影响[J].南方农业学报,2021,52(12):3382-3391.
- [4] 朱瑜,周信雁,魏宇飞,等.嫁接对番茄植株根际微生物群落组成的影响[J].西南农业学报,2024,37(1):199-209.
- [5] 吴凤芝,安美君.西瓜枯萎病抗性及其嫁接对根际土壤微生物数量及群落结构的影响[J].中国农业科学,2011,44(22):4636-4644.
- [6] 宋阳.嫁接西瓜根系分泌物特征及其对根际微生物区系的影响研究[D].南京:南京农业大学,2018.
- [7] 尧甜.甘氨酸对嫁接西瓜根系分泌物和根际微生物的影响[D].

- 陕西杨凌:西北农林科技大学,2025.
- [8] 袁飞.嫁接冬瓜提高枯萎病抗性化感机制[D].海口:海南大学,2021.
- [9] 韦利娜.抗病砧木根系分泌物提高嫁接甜瓜抗枯萎病的生理机制研究[D].南宁:广西大学,2021.
- [10] 张勇勇,赵凤艳,杨丽娟.设施番茄连作对产量、品质和土壤功能的影响[J].中国土壤与肥料,2023(2):96-105.
- [11] Curtis T P, Sloan W T, Scannell J W. Estimating prokaryotic diversity and its limits[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2002, 99(16): 10494-10499.
- [12] 姚丽娟,田春丽,王立河,等.设施西瓜连作土壤生化性质及微生物群落变化[J].中国土壤与肥料,2024(3):70-78.
- [13] 易剑锋,许沛冬,陈迪,等.海南三亚地区豇豆枯萎病病原菌生物学测定及室内药剂筛选[J].中国瓜菜,2025,38(5):37-48.
- [14] 王泽华,方香玲.尖孢镰刀菌遗传多样性研究进展[J].中国草地学报,2021,43(5):106-114.
- [15] 郭志青,张霞,刁立功,等.镰刀菌及其伏马毒素的危害和防控[J].山东农业科学,2022,54(1):157-164.
- [16] 郝文雅.西瓜、水稻根系分泌物中的化感物质对西瓜连作枯萎病的影响[D].南京:南京农业大学,2010.
- [17] 耿丽华,史越,宫国义,等.西瓜、甜瓜瓜亡革菌枯萎病及其致病性[J].中国瓜菜,2023,36(9):16-21.
- [18] 王梦涵.黑龙江甜瓜连作障碍成因及防控措施[J].数字农业与智能农机,2025(5):89-92.
- [19] 田晴,高丹美,李慧,等.小麦根系分泌物对西瓜连作土壤真菌群落结构的影响[J].中国农业科学,2020,53(5):1018-1028.
- [20] 陈绍江,宋同明,吴全安.玉米青枯病病原腐霉对其伴生镰刀菌的影响[J].植物病理学报,1997,27(3):251-256.
- [21] 陈梦,刘秋梅,李德军,等.辣椒连作障碍土壤中的真菌群落结构特征[J].辣椒杂志,2024,22(1):9-15.
- [22] 吴国平,杨利娟,张春祥,等.黄瓜根腐病生防芽孢杆菌的筛选、鉴定及协同效应[J].山东农业科学,2025,57(2):134-140.
- [23] 董林林,左元梅,李晓林,等.嫁接对黄瓜土壤生化特性的影响[J].中国农业大学学报,2010,15(4):51-56.
- [24] 周宝利,徐妍,尹玉玲,等.不同连作年限土壤对茄子土壤生物学活性的影响及其嫁接调节[J].生态学杂志,2010,29(2):290-294.
- [25] 周信雁,杨尚东.番茄连作土壤中微生物群落的变化特征及其重塑研究进展[J].华中农业大学学报,2024,43(1):1-8.
- [26] 龚笑飞,李丽霞,余水生,等.丛枝菌根真菌接种对黄檀根际细菌群落结构的影响[J].中南农业科技,2025,46(5):45-48.
- [27] 马铁君.微生物对农业土壤质量与作物生产力的影响[J].工业微生物,2025,55(2):205-207.
- [28] 李婧璇,薛娇,王世梅,等.生物有机肥与茎部注射有益菌联合高效防控番茄土传青枯病[J].土壤,2024,56(3):480-487.
- [29] 薛国萍,杜金伟,白红梅,等.辣椒秸秆原位还田方式对土壤细菌和真菌群落结构及多样性的影响[J].北方农业学报,2024,52(6):94-105.
- [30] 黄昆鹏,董昆乐,李芳芳,等.烟草抗病嫁接对根际土壤微生物多样性的影响[J].江苏农业科学,2023,51(20):239-247.