

研究报告

## 不同连作年限甜瓜种植土壤性质和微生物多样性

郑立伟<sup>1</sup>, 赵阳阳<sup>1</sup>, 王一冰<sup>1</sup>, 黄亚丽<sup>\*1</sup>, 范凤翠<sup>2</sup>, 刘胜尧<sup>2</sup>

1 河北科技大学环境科学与工程学院, 河北 石家庄 050018

2 河北省农林科学院农业信息与经济研究所, 河北 石家庄 050051

郑立伟, 赵阳阳, 王一冰, 黄亚丽, 范凤翠, 刘胜尧. 不同连作年限甜瓜种植土壤性质和微生物多样性[J]. 微生物学通报, 2022, 49(1): 101-114

Zheng Liwei, Zhao Yangyang, Wang Yibing, Huang Yali, Fan Fengcui, Liu Shengyao. Soil properties and microbial diversity in the muskmelon fields after continuous cropping for different years[J]. Microbiology China, 2022, 49(1): 101-114

**摘要:** 【背景】连作种植和化肥、农药过量施用导致设施甜瓜土壤质地恶化、病害严重, 甜瓜产量和质量下降。【目的】明确甜瓜连作种植年限对土壤化学性质、土壤酶活性和微生物多样性的影响。【方法】以甜瓜种植1年、5年和10年的温室耕层土壤为研究对象, 采用常规分析方法、土壤酶活测定试剂盒、稀释涂布平板法和 Illumina MiSeq 高通量测序技术分别进行土壤化学性质、酶活性、可培养微生物数量和微生物多样性的测定。【结果】甜瓜连作种植引起耕层土壤全氮、速效氮、速效磷含量增加和pH值升高。与种植1年土壤相比, 连作5年土壤全氮、速效氮、速效磷和pH值分别增加了1.04%、0.56%、6.00%和4.45%, 连作10年分别增加了7.25%、6.87%、17.75%和5.60%。土壤速效钾含量随连作年限增加而显著降低, 连作10年时降低幅度达12.68%。甜瓜连作种植引起土壤脲酶、碱性磷酸酶、蔗糖酶活性显著降低。连作5年3种酶活性分别降低了2.79%、41.05%和38.81%, 连作10年分别降低了23.43%、42.30%和66.21%。过氧化氢酶活性随连作年限增加呈先降低后增加的趋势。甜瓜连作种植导致土壤中细菌和放线菌的数量显著减少, 连作5年和10年土壤中细菌、放线菌、真菌数量分别较种植1年减少6.02%、29.32%、32.50%和58.65%、53.17%、33.75%。甜瓜连作使土壤细菌多样性指数降低, 细菌中变形菌门(*Proteobacteria*)、拟杆菌门(*Bacteroidetes*)等优势菌门及其中的根瘤菌属(*Rhizobium*)、假单胞菌属(*Pseudomonas*)、芽孢杆菌属(*Bacillus*)等有益菌丰度减少; 土壤真菌的丰度增加而均一度降低, 真菌的子囊菌门(*Ascomycota*)丰度增加。冗余分析表明, 全氮、速效氮、速效磷和pH等土壤性质及鞘脂单胞菌(*Sphingomonas*)、芽单胞菌(*Gemmimonas*)、霉菌属(*Mycothermus*)等微生物种群与甜瓜连作年限呈正相关。【结论】设施甜瓜连作导致土壤化学性质和微生物环境恶化, 该研究为设施甜瓜连作土壤的修复和甜瓜产

基金项目: 河北省重点研发计划(20327507D); 河北省现代农业产业技术创新团队项目(HBCT2018030205)

Supported by: Key Research and Development Program of Hebei Province (20327507D); Modern Agricultural Industry Technology System Innovation Team Project of Hebei Province (HBCT2018030205)

\*Corresponding author: E-mail: huangyali2291@163.com

Received: 2021-06-29; Accepted: 2021-08-08; Published online: 2021-10-26

业的可持续发展提供参考。

关键词：甜瓜；连作年限；土壤化学性质；土壤酶活性；微生物多样性

## Soil properties and microbial diversity in the muskmelon fields after continuous cropping for different years

ZHENG Liwei<sup>1</sup>, ZHAO Yangyang<sup>1</sup>, WANG Yibing<sup>1</sup>, HUANG Yali<sup>\*1</sup>, FAN Fengcui<sup>2</sup>, LIU Shengyao<sup>2</sup>

1 College of Environmental Sciences and Engineering, Hebei University of Science and Technology, Shijiazhuang 050018, Hebei, China

2 Institute of Agricultural Information and Economics, Hebei Academy of Agriculture and Forestry Sciences, Shijiazhuang 050051, Hebei, China

**Abstract:** [Background] Muskmelon under protected cultivation faces soil deterioration, serious diseases, and the decline of muskmelon yield and quality as a result of continuous cropping and excessive chemical fertilizer and pesticides application. [Objective] This paper aims to clarify the effect of continuous cropping span of muskmelon on soil chemical properties, enzyme activity, and microbial diversity. [Methods] Topsoil samples were collected from the greenhouses after 1 year, 5 years, and 10 years of continuous muskmelon cropping. Soil chemical properties, enzyme activity, culturable microorganism count, and microbial diversity were determined with conventional methods, enzyme assay kits, dilution-plate method, and Illumina MiSeq, respectively. [Results] Continuous cropping increased soil total nitrogen, available nitrogen, available phosphorus, and pH. The total nitrogen, available nitrogen, available phosphorus, and pH in soil after 5 years of continuous cropping were 1.04%, 0.56%, 6.00%, and 4.45% higher than those in soil after one year of planting, respectively, and the corresponding figures for soil after 10 years of continuous cropping were 7.25%, 6.86%, 17.75%, and 5.60%, respectively. However, soil available potassium was reduced significantly with the continuous cropping and the reduction reached 12.68% in soil after 10 years of continuous cropping. Continuous cropping significantly decreased the activity of soil urease, alkaline phosphatase, and sucrase, and the decrease was 2.79%, 41.05%, and 38.81% for soil under 5 years of continuous cropping, respectively, and 23.43%, 42.30% and 66.21% for soil under 10 years of continuous cropping, respectively. However, the activity of catalase reduced first and then rose with the continuous cropping. The counts of bacteria and actinomyces decreased significantly with the continuous cropping. To be specific, the number of bacteria, actinomyces, and fungi was 6.02%, 29.32%, and 32.50% smaller in soil after 5 years of continuous cropping, respectively, and 58.65%, 53.17%, and 33.75% smaller in soil after 10 years of continuous cropping, respectively, than that in soil after one year of planting. Moreover, bacterial diversity was lowered, as manifested by the reduction of the dominant *Proteobacteria* and *Bacteroidetes* and the beneficial *Rhizobium*, *Pseudomonas*, and *Bacillus*. The abundance of fungi was increased and the evenness was reduced. Specifically, the abundance of *Ascomycota* rose. Redundancy analysis indicated that soil total nitrogen, available nitrogen, available phosphorus, and pH and soil

*Sphingomonas*, *Gemmimonas*, and *Mycothermus* were in positive correlation with continuous cropping span. [Conclusion] Continuous cropping of muskmelon resulted in deterioration of soil chemical properties and microbial environment. The study provided a reference for the remediation of soil under continuous muskmelon cropping and sustainable development of muskmelon industry.

**Keywords:** muskmelon; continuous cropping span; soil chemical properties; soil enzyme activity; microbial diversity

甜瓜(*Cucumis melo* L.)属于葫芦科甜瓜属, 是我国常见的春夏季果品。设施栽培是提早甜瓜上市时间、增加种植效益的有效措施。然而, 由于设施栽培的棚室小气候及化肥、农药的过量施用, 导致设施土壤质地恶化、病害严重、产量降低等连作障碍<sup>[1]</sup>。研究设施甜瓜连作种植所引起的土壤性质变化对明确连作病因、缓解连作障碍具有重要的意义。连作种植引起的土壤性质变化包括土壤物理性质、化学性质和生物性质等<sup>[2]</sup>。对设施茄子、黄瓜、番茄、辣椒等作物连作后土壤理化性质进行分析发现, 连作种植使耕层土壤氮、磷、钾等营养元素积累, 盐分增加, 土壤酸化<sup>[3-4]</sup>。与土壤理化指标相比, 土壤酶活性作为一类生物学指标能敏感地反映土壤质量的变化<sup>[5-6]</sup>。研究发现, 设施连作种植使土壤脲酶、蔗糖酶、过氧化氢酶、碱性磷酸酶等酶活性下降, 导致土壤养分转化和供应受阻<sup>[7-8]</sup>。土壤微生物群落结构能够直观地反映土壤微生态状况和病害的发生趋势<sup>[9]</sup>。Liu 等研究发现, 随作物连作年限的延长, 土壤微生物多样性指数降低<sup>[10]</sup>, 土壤菌群结构发生明显变化<sup>[11]</sup>, 甜瓜连作处理根区土壤中尖孢镰刀菌数量升高, 枯萎病发生率增加<sup>[12]</sup>。

总之, 设施连作种植在一定程度上引起土壤理化性质、酶活性和微生物多样性的改变, 但有关设施甜瓜连作对土壤化学性质和微生物多样性的影响尚缺乏系统研究, 特别是对不同连作年限的甜瓜种植土壤的细菌和真菌群落结

构分析未见报道。本研究以不同连作年限设施甜瓜种植土壤为研究对象, 重点探讨不同连作年限甜瓜土壤化学性质、微生物多样性和群落结构及其相关关系, 以揭示设施甜瓜连作障碍的主要因素, 为设施甜瓜连作障碍的有效防治提供理论支撑。

## 1 材料与方法

### 1.1 研究区域概况

研究区选在河北省沧州市青县(116°45'E–116°48'E、38°33'N–38°37'N), 青县是河北省甜瓜特色农业种植大县。气候属温带半湿润大陆性季风气候, 四季分明, 年均气温 12.1 °C, 年日照时数 2 769.8 h, 无霜期 180 d, 年均降水量 618 mm。本研究以青县设施甜瓜连片种植区 9 栋温室的耕层土壤为样本, 甜瓜品种均为博洋 9 号。其中甜瓜 1 年种植、5 年种植和 10 年种植的温室各 3 栋。9 栋温室所在位置的气候条件和耕作管理模式均相同。肥料为有机肥(市场购买的鸡粪或牛粪有机肥, 用量 30 000 kg/hm<sup>2</sup>, pH 8.0–9.0, 有机质≥40%)和复合肥(市场购买的氮、磷、钾复合肥, 用量 300 kg/hm<sup>2</sup>, N+P<sub>2</sub>O<sub>5</sub>+K<sub>2</sub>O≥45%), 整地前施用。

### 1.2 土样采集和处理

于 2019 年 5 月 10 日甜瓜拉秧期进行样品采集, 采用五点取样法用土钻采集深度为 0–20 cm 的耕层土壤放置于无菌封口袋中, 冷藏运输至实验室。将样品充分混合后, 在无菌环境下采用四分法将采集的土样分成 3 份, 其

中一份土样自然风干，过 0.2 mm 网筛，进行土壤化学性质和酶活性的测定；一份 4 °C 冷藏保存，进行可培养微生物数量测定；一份 -80 °C 超低温保存，用于细菌和真菌的多样性测定。

### 1.3 方法

#### 1.3.1 土壤化学性质测定

土壤化学性质测定方法参考《土壤分析技术规范》(第 2 版)<sup>[13]</sup>进行。其中有机质采用重铬酸钾氧化-容量法测定；全氮采用凯式蒸馏法测定；速效氮采用碱解扩散法测定；速效磷采用碳酸氢钠浸提-钼锑抗比色法测定；速效钾采用乙酸铵提取-火焰光度计法测定；土壤 pH 采用电位法按土水质量比 1:2.5 测定。

#### 1.3.2 土壤酶活性测定

土壤酶活性采用南京建成生物工程研究所试剂盒测定。其中土壤脲酶采用苯酚钠-次氯酸钠比色法，以 24 h 后 1 g 土壤中产生 1 mg NH<sub>3</sub>-N 为 1 个酶活力单位；土壤蔗糖酶采用 3,5-二硝基水杨酸比色法，以 24 h 后 1 g 土壤中产生 1 mg 还原糖定义为 1 个酶活力单位；土壤碱性磷酸酶采用磷酸苯二钠比色法，以 37 °C、24 h 后 1 g 土壤释放 1 μmol 酚定义为 1 个酶活单位；土壤过氧化氢酶采用紫外分光光度法，以 24 h 后 1 g 土壤催化降解 1 μmol H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> 定义为 1 个酶活力单位。

#### 1.3.3 土壤可培养微生物数量测定

土壤中细菌、真菌和放线菌数量测定按照《土壤微生物研究原理与方法》<sup>[14]</sup>中稀释涂布平板法进行。

#### 1.3.4 土壤微生物多样性测定及分析

委托生工生物工程(上海)股份有限公司进行微生物多样性分析，采用 Illumina 公司的 MiSeq PE300 平台，对细菌 16S rRNA 基因的 V3-V4 区和真菌 rDNA ITS 序列进行扩增及测序，得到的原始图像数据经 CASAVA 碱基识别转化为原始测序序列，用软件 Cutadapt 去除接

头，PEAR 序列对拼，PRINSEQ 进行质量剪切，Usearch 软件去除序列中非扩增区域序列，对去除嵌合体的序列与数据库代表性序列进行 BLASTn 比对，在 97% 的相似水平下将序列分成不同的操作分类单元 (operational taxonomic unit, OTU)，对每个 OTU 进行统计并对其代表序列进行物种注释，得到对应的物种信息及丰度分布情况。

### 1.4 统计分析

应用 Excel 2019 软件对土壤化学性质、酶活性和可培养微生物数据进行整理，用 SPSS 21.0 统计分析软件对数据进行单因素方差分析，处理间差异显著性检验使用邓肯法 (Duncan)(P<0.05)。用 Mothur 软件进行 α 多样性分析。R 语言 vegan 包进行非度量多维尺度 (non-metric multi-dimensional scaling, NMDS) 分析和相似性分析检验。基于 RDP 数据库对 OTU 进行物种分类，使用 Stamp 软件对各连作年限间菌群丰度进行差异分析(P<0.05)，利用错误发现率(false discovery rate, FDR)做多重检验校正，用 R 语言作图。利用 R 语言计算物种和环境因子的皮尔森相关系数 (pearson correlation)，软件 Canoco 5.0 进行冗余分析 (redundancy analysis, RDA) 并作图。

## 2 结果与分析

### 2.1 不同连作年限甜瓜土壤化学性质的变化

表 1 为 1 年、5 年和 10 年设施甜瓜种植土壤的化学性质。由表 1 结果可知，不同种植年限的甜瓜土壤化学性质存在一定差异，其中土壤全氮、速效氮、速效磷和 pH 值随甜瓜种植年限的增加而增加。与种植 1 年的土壤相比，连作 5 年的土壤全氮、速效氮、速效磷和 pH 值分别增加了 1.04%、0.56%、6.00% 和 4.45%，连作 10 年的土壤则分别增加了 7.25%、6.87%、17.75%

和 5.60%，其中土壤速效磷和 pH 这 2 个指标随连作年限增加呈显著差异；而对于速效钾来说，其含量呈现降低趋势，连作 10 年时降低幅度达 12.68%。土壤有机质含量呈现先降后升的趋势，其中连作 5 年的土壤有机质显著降低。

## 2.2 不同连作年限甜瓜土壤酶活性的变化

甜瓜种植年限对土壤酶活性具有明显的影响(表 2)，其中土壤脲酶、碱性磷酸酶和蔗糖酶活性随连作年限增加呈降低的趋势。与种植 1 年的土壤相比，连作 5 年的土壤脲酶、碱性磷酸酶、蔗糖酶活性分别降低了 2.79%、41.05% 和

38.81%，连作 10 年的土壤分别降低 23.43%、42.30% 和 66.21%。过氧化氢酶活性的变化趋势与其他 3 种酶的变化趋势不同，随连作年限增加呈先降低后增加趋势，连作 5 年土壤的过氧化氢酶活性显著低于 1 年和 10 年甜瓜种植土壤。由结果可知，甜瓜连作种植造成脲酶、磷酸酶和蔗糖酶活性降低，从而使土壤中氮、磷和碳的循环受阻，养分供应能力降低。

## 2.3 不同连作年限甜瓜土壤可培养微生物数量变化

如表 3 所示，甜瓜种植土壤中可培养细

**表 1 不同连作年限甜瓜土壤化学性质变化**

Table 1 Changes of soil chemical properties of muskmelon at different continuous cropping span

连作年限	有机质	全氮	速效氮	速效磷	速效钾	pH
Continuous cropping span (a)	Organic matter (g/kg)	Total nitrogen (g/kg)	Available nitrogen (mg/kg)	Available phosphorus (mg/kg)	Available potassium (mg/kg)	
1	31.41±1.57a	1.93±0.05b	125.71±4.65a	268.05±4.23c	644.17±14.43a	7.86±0.01c
5	28.22±0.37b	1.95±0.05b	126.41±3.08a	284.14±2.13b	663.33±10.10a	8.21±0.02b
10	33.30±0.70a	2.07±0.10a	134.34±7.41a	315.63±10.45a	562.50±20.00b	8.30±0.02a

注：同列中不同小写字母表示差异显著( $P<0.05$ )

Note: Different lowercase letters of the same column values indicate significant differences ( $P<0.05$ ).

**表 2 不同连作年限甜瓜土壤酶活性变化**

Table 2 Changes of soil enzyme activity of muskmelon at different continuous cropping span

连作年限	脲酶	碱性磷酸酶	蔗糖酶	过氧化氢酶
Continuous cropping span (a)	Urease (U/g)	Alkaline phosphatase (U/g)	Sucrase (U/g)	Catalase (U/g)
1	3 615.36±405.63a	25.53±2.26a	36.85±6.45a	26.96±0.59a
5	3 514.58±322.52a	15.05±3.86b	22.55±3.74b	23.13±1.54b
10	2 768.25±242.03b	14.73±2.11b	12.45±3.04c	27.85±2.12a

注：同列中不同小写字母表示差异显著( $P<0.05$ )

Note: Different lowercase letters of the same column values indicate significant differences ( $P<0.05$ ).

**表 3 不同连作年限甜瓜土壤可培养微生物数量的变化**

Table 3 Variation of the number of culturable microorganisms in the soil of muskmelon in different continuous cropping span

连作年限	微生物总数	细菌	放线菌	真菌	细菌/真菌
Continuous cropping span (a)	Total microbe ( $\times 10^6$ CFU/g)	Bacteria ( $\times 10^6$ CFU/g)	Actinomycetes ( $\times 10^4$ CFU/g)	Fungi ( $\times 10^3$ CFU/g)	Bacteria/Fungi ( $\times 10^3$ )
1	13.8±3.3a	13.3±3.3a	45.7±3.3a	8.0±2.5a	1.7±0.8b
5	12.8±3.0a	12.5±2.9a	32.3±10.6b	5.4±1.8a	2.3±0.8a
10	5.7±0.8b	5.5±0.8b	21.4±2.9b	5.3±2.1a	1.2±0.5b

注：同列中不同小写字母表示差异显著( $P<0.05$ )

Note: Different lowercase letters of the same column values indicate significant differences ( $P<0.05$ ).

菌、放线菌、真菌的数量均随种植年限延长而降低。其中，连作 5 年土壤中细菌、放线菌、真菌的数量分别较 1 年土壤中降低 6.02%、29.32% 和 32.50%，连作 10 年土壤则较 1 年分别降低 58.65%、53.17% 和 33.75%。细菌数量与真菌数量的比值表示土壤中可培养微生物的平衡状态，该比值越小说明土壤发生土传病害的可能性越大，由表 3 结果可以看出，连作 10 年土壤细菌/真菌的比值低于种植 1 年和连作 5 年的土壤，表明长期连作可能会造成甜瓜土传病害发生严重。

## 2.4 连作年限对甜瓜土壤微生物群落多样性的影响

**2.4.1 连作年限对甜瓜土壤微生物多样性的影响**

由表 4 结果可以看出，3 个不同种植年限土壤中细菌 OTU 分别为 4 487、5 470 和 4 599 个，文库覆盖率为 98%。对 3 个不同种植年限土壤的细菌  $\alpha$  多样性进行统计分析，随着连作时间的延长，土壤的辛普森(Simpson)指数、Chao1 指数和 ACE 指数均有一定程度的降低，说明甜瓜连作导致细菌多样性减少，但是不同连作年限之间不存在显著差异。

真菌 rDNA ITS 序列分析和 OTU 聚类结果显示，3 个不同种植年限土壤中真菌 OTU 分别为

388、497 和 568 个。随着连作年限的延长，真菌的 OTU 数量显著增加，说明连作使土壤真菌的种类增加。对土壤真菌的多样性指数进行分析发现(表 4)，与种植 1 年土壤相比，连作 5 年和 10 年土壤的香农(Shannon)指数和 Chao1 指数增加、辛普森(Simpson)指数显著降低，说明随年限的增加，土壤真菌的丰富度增加、均匀度下降。

### 2.4.2 连作年限对甜瓜土壤细菌群落组成及丰度的影响

在门水平下对土壤细菌群落丰度进行分析发现(表 5)，不同连作年限土壤中前 6 位的优势菌门均相同。在优势菌门中，变形菌门(*Proteobacteria*)、拟杆菌门(*Bacteroidetes*)、放线菌门(*Actinobacteria*)和厚壁菌门(*Firmicutes*)这 4 个门的微生物丰度均在连作后降低，其中种植 1 年、5 年和 10 年的土壤中变形菌门(*Proteobacteria*)的丰度分别为 48.63%、45.55% 和 40.83%；而酸杆菌门(*Acidobacteria*)、浮霉菌门(*Planctomycetes*)和芽单胞菌门(*Gemmatimonadetes*)的丰度则随种植时间延长而呈现上升趋势，其中种植 1 年、5 年和 10 年的土壤中酸杆菌门(*Acidobacteria*)的丰度分别为 6.62%、11.33% 和 12.06%，5 年和 10 年土壤较种植 1 年的增幅分别为 71.15% 和 82.18%。

**表 4 不同连作年限甜瓜土壤细菌和真菌群落  $\alpha$  多样性指数**

Table 4 Alpha diversity index of soil bacterial and fungal communities in muskmelon in different continuous cropping span

分类 Classification	连作年限 Continuous cropping span (a)	OTU 数量 Number of OTU	辛普森指数 Simpson index	香农指数 Shannon index	Chao1 指数 Chao1 index	ACE 指数 ACE index	覆盖率 (%)
细菌 Bacteria	1	4 487±479a	0.012 2±0.008 8a	6.08±0.46a	6 020.03±611.41a	6 161.85±575.76a	98
	5	5 470±569a	0.003 6±0.000 8a	6.90±0.17a	6 960.84±334.52a	7 187.61±395.58a	98
	10	4 599±779a	0.005 2±0.000 5a	6.56±0.29a	5 764.81±778.34a	5 924.43±852.70a	98
真菌 Fungi	1	388±28b	0.485 1±0.167 7a	1.47±0.38b	566.94±20.34a	640.92±106.16a	100
	5	497±92ab	0.166 4±0.023 6b	2.75±0.03a	582.39±112.74a	608.66±128.41a	100
	10	568±105a	0.130 2±0.077 7b	3.15±0.81a	597.63±138.04a	619.22±150.87a	100

注：同列中不同小写字母表示差异显著( $P<0.05$ )

Note: Different lowercase letters of the same column values indicate significant differences ( $P<0.05$ ).

表 5 不同连作年限土壤细菌在门和属水平上的丰度变化

Table 5 Variation of soil bacteria abundance at the phylum and genus levels in different continuous cropping span

优势菌门 Dominant phyla	属 Genera	丰度 Abundance (%)		
		1 a	5 a	10 a
变形菌门 <i>Proteobacteria</i>		48.63±4.09a	45.55±4.56a	40.83±8.79a
	鞘脂单胞菌属 <i>Sphingomonas</i>	3.75±1.80a	4.52±1.33a	5.88±3.94a
	假单胞菌属 <i>Pseudomonas</i>	3.60±3.69a	3.04±2.33a	1.44±1.46a
	溶杆菌属 <i>Lysobacter</i>	2.29±1.79a	2.63±2.36a	1.30±1.54a
	盐单胞菌属 <i>Halomonas</i>	4.72±7.64a	0.13±0.10b	0.15±0.24b
	叶黄素单胞菌 <i>Luteimonas</i>	2.47±2.11a	0.67±0.80a	0.87±0.71a
	德沃斯氏菌属 <i>Devosia</i>	1.27±1.07a	0.61±0.32a	1.22±0.56a
	短波单胞菌属 <i>Brevundimonas</i>	2.01±3.10a	0.12±0.08a	0.56±0.36a
	波瓦利杆菌 <i>Povalibacter</i>	0.78±0.42a	1.18±0.41a	1.17±0.29a
	新鞘脂菌属 <i>Novosphingobium</i>	0.94±0.67a	0.97±0.38a	0.76±0.67a
	根瘤菌属 <i>Rhizobium</i>	0.67±0.62a	0.18±0.06a	0.45±0.25a
	海绵玫瑰变色菌 <i>Roseovarius</i>	1.44±2.46a	0.20±0.17a	0.13±0.19a
	硫深海菌属 <i>Thioprofundum</i>	0.54±0.59a	1.05±0.36a	0.15±0.01a
	堆囊菌属 <i>Sorangium</i>	0.27±0.37a	0.02±0.02a	0.24±0.42a
	<i>Rhodoligotrophos</i>	0.25±0.16ab	0.49±0.16a	0.11±0.09b
	类固醇杆菌属 <i>Steroidobacter</i>	0.25±0.15a	0.16±0.07a	0.18±0.07a
	硫杆菌属 <i>Thiobacter</i>	0.07±0.06b	0.41±0.17a	0.13±0.05ab
拟杆菌门 <i>Bacteroidetes</i>		18.49±3.02a	10.88±1.81b	10.34±4.21b
	土地杆菌属 <i>Pedobacter</i>	2.22±2.21a	0.89±1.00a	1.02±1.14a
	海洋杆菌属 <i>Pontibacter</i>	1.34±0.41a	0.59±0.22ab	0.49±0.24b
	土生单胞菌属 <i>Terrimonas</i>	0.14±0.06b	0.14±0.04b	0.43±0.16a
酸杆菌门 <i>Acidobacteria</i>		6.62±2.41a	11.33±3.82a	12.06±7.12a
	Gp6	2.47±0.70a	4.13±1.75a	4.57±1.83a
	Gp4	1.19±0.67a	2.32±1.42a	2.46±2.83a
	Gp21	0.00±0.00b	0.04±0.02a	0.01±0.01ab
浮霉菌门 <i>Planctomycetes</i>		2.84±0.77b	6.66±0.96a	6.10±2.03a
	小梨形菌属 <i>Pirellula</i>	0.47±0.17a	0.86±0.33a	1.13±0.41a
	红小梨形菌属 <i>Rhodopirellula</i>	0.25±0.17a	0.31±0.15a	0.16±0.19a
	<i>Thermogutta</i>	0.10±0.00b	0.25±0.04ab	0.29±0.09a
	<i>Zavarzinella</i>	0.03±0.02b	0.10±0.01a	0.08±0.02a
放线菌门 <i>Actinobacteria</i>		4.81±1.43a	4.22±0.22a	3.86±1.13a
	棒杆菌属 <i>Corynebacterium</i>	0.38±0.37a	0.01±0.02a	0.01±0.01a
	类诺卡氏菌属 <i>Nocardioides</i>	0.16±0.05a	0.10±0.04a	0.10±0.05a
	气微菌属 <i>Aeromicrobium</i>	0.23±0.06a	0.20±0.08a	0.09±0.03a
	赖氨酸单胞菌 <i>Lysinimonas</i>	0.25±0.16a	0.14±0.08a	0.10±0.05a
厚壁菌门 <i>Firmicutes</i>		7.44±8.91a	1.54±0.42a	2.93±2.61a
	芽孢杆菌属 <i>Bacillus</i>	1.65±1.33a	0.61±0.43a	1.36±1.84a
	类芽孢杆菌属 <i>Paenibacillus</i>	0.32±0.13a	0.08±0.04b	0.08±0.05b
疣微菌门 <i>Verrucomicrobia</i>		2.09±0.85a	4.12±1.53a	3.96±0.66a
	丰祐菌属 <i>Opitutus</i>	0.22±0.08b	0.33±0.08ab	0.45±0.05a
芽单胞菌门 <i>Gemmatimonadetes</i>		1.93±1.08a	2.90±1.45a	3.57±1.28a
	芽单胞菌属 <i>Gemmatimonas</i>	1.93±1.08a	2.90±1.45a	3.57±1.28a
其他 Others		60.97±5.01a	69.26±5.41a	68.60±8.18a

注: 同列中不同小写字母表示差异显著( $P<0.05$ )Note: Different lowercase letters of the same column values indicate significant differences ( $P<0.05$ ).

从属水平上对细菌丰度分析发现,与种植1年相比,连作5年和10年土壤中变形菌门(*Proteobacteria*)、拟杆菌门(*Bacteroidetes*)、放线菌门(*Actinobacteria*)和厚壁菌门中的大部分属丰度呈降低趋势,其中盐单胞菌属(*Halomonas*)的丰度存在显著差异;酸杆菌门(*Acidobacteria*)、浮霉菌门(*Planctomycetes*)主要属丰度呈增加趋势,其中连作5年土壤中硫杆菌属(*Thiobacter*)、Gp21、*Zavarzinella*丰度和

连作10年土壤中土生单胞菌属(*Terrimonas*)、*Thermogutta*、*Zavarzinella*等属的丰度显著增加。

#### 2.4.3 连作年限对甜瓜土壤真菌群落组成及丰度的影响

子囊菌门(*Ascomycota*)、被孢霉门(*Mortierellomycota*)和担子菌门(*Basidiomycota*)为甜瓜种植土壤中的优势真菌门(表6)。其中子囊菌门(*Ascomycota*)和丝足虫门(*Cercozoa*)丰

表6 不同连作年限土壤真菌在门和属水平上的丰度变化

Table 6 Variation of soil fungi abundance at the phylum and genus levels in different continuous cropping span

门 Phyla	属 Genera	丰度 Abundance (%)		
		1 a	5 a	10 a
子囊菌门 <i>Ascomycota</i>		11.48±3.66b	36.79±14.44a	36.16±18.88a
	<i>Acaulium</i>	3.13±5.42a	13.74±2.37a	0.65±0.19a
	<i>Mycothermus</i>	0.00±0.00b	0.02±0.03b	12.67±1.94a
	网孢盘菌属 <i>Aleuria</i>	0.07±0.05b	5.53±2.22a	0.95±0.64b
	Unclassified <i>Hypocreales</i>	0.07±0.06a	0.65±0.70a	4.19±6.96a
	Unclassified <i>Saccharomycetales</i>	0.00±0.01a	0.03±0.03a	2.84±4.82a
	Unclassified <i>Pyronemataceae</i>	0.09±0.14a	1.67±1.84a	0.46±0.77a
	镰刀菌属 <i>Fusarium</i>	0.70±0.63a	0.91±0.27a	1.11±0.98a
	曲霉属 <i>Aspergillus</i>	0.15±0.18a	0.12±0.05a	1.97±3.31a
	柄孢壳菌属 <i>Podospora</i>	1.22±2.11a	0.01±0.01a	0.63±1.02a
	<i>Plectosphaerella</i>	0.00±0.00a	0.18±0.20a	0.56±0.67a
	轮枝孢属 <i>Verticillium</i>	0.02±0.03a	0.51±0.75a	0.31±0.18a
	支顶孢属 <i>Acremonium</i>	0.12±0.16a	0.05±0.07a	0.04±0.02a
	青霉菌属 <i>Penicillium</i>	0.01±0.01a	0.07±0.08a	0.49±0.79a
	木霉菌属 <i>Trichoderma</i>	0.00±0.00a	0.00±0.01a	0.13±0.22a
	核盘菌属 <i>Sclerotinia</i>	0.00±0.01a	0.02±0.03a	0.05±0.06a
	球腔菌属 <i>Mycosphaerella</i>	0.00±0.00a	0.01±0.02a	0.00±0.00a
被孢霉门 <i>Mortierellomycota</i>		11.78±4.84a	14.24±3.36a	1.18±1.25b
	被孢霉属 <i>Mortierella</i>	3.10±1.16a	4.38±1.17a	0.86±0.75a
	Unclassified <i>Mortierellaceae</i>	0.15±0.25a	3.13±1.34a	0.13±0.22a
担子菌门 <i>Basidiomycota</i>		0.11±0.12c	3.71±1.12a	1.69±0.85b
	锥盖伞属 <i>Conocybe</i>	0.00±0.00a	1.13±1.79a	0.02±0.02a
	Unclassified <i>Agaricomycetes</i>	0.04±0.04a	0.03±0.03a	1.01±0.72a
壶菌门 <i>Chytridiomycota</i>		0.00±0.00c	1.47±0.47a	0.27±0.02b
	根囊壶菌属 <i>Rhizophlyctis</i>	0.00±0.00a	1.44±2.49a	0.20±0.35a
丝足虫门 <i>Cercozoa</i>		0.02±0.01c	0.14±0.03b	2.40±0.82a
	Unclassified <i>Cercozoa</i>	0.02±0.01c	0.14±0.03b	2.40±1.82a
其他 Others		91.12±3.08a	72.05±19.44a	69.75±19.58a

注: 同列中不同小写字母表示差异显著( $P<0.05$ )

Note: Different lowercase letters of the same column values indicate significant differences ( $P<0.05$ ).

度随连作年限延长显著增加, 1 年、5 年和 10 年甜瓜种植年限土壤中子囊菌门(*Ascomycota*)丰度依次为 11.48%、36.79% 和 36.16%, 丝足虫门(*Cercozoa*)丰度依次为 0.02%、0.14% 和 2.40%。然而, 被孢霉门(*Mortierellomycota*)丰度在连作 10 年时显著下降。在属水平上分析, 连作使甜瓜土壤真菌属的数量增加, 种植 1 年、5 年和 10 年的真菌属数目分别为 48、75 和 80 个属, 在子囊菌门(*Ascomycota*)的 16 个属中有 11 个属随种植年限延长其丰度增加, 其中包括植物的主要病原真菌核盘菌属(*Sclerotinia*)、轮枝孢属(*Verticillium*)、曲霉属(*Aspergillus*)、镰刀菌属(*Fusarium*)等。

## 2.5 土壤化学性质和微生物种群的相关分析

对土壤化学性质、微生物种群进行冗余分析, 结果见图 1。由图 1A 结果可以看出, 土壤全氮、速效氮、速效磷、pH 等土壤性质与连作年限呈正相关。同时, 这些因子与鞘脂单胞菌属(*Sphingomonas*)、Gp6、芽单胞菌属(*Gemmimonas*)、Gp4 等微生物呈正相关关系; 与假单胞菌属(*Pseudomonas*)、溶杆菌属(*Lysobacter*)、土地杆菌属(*Pedobacter*)呈负相关关系。由图 1B 结果可以看出, 真菌中 *Mycothermus* 与土壤全氮、速效氮、速效磷、pH 等土壤化学因子呈正相关, *Unclassified Mortierellales*、被孢霉属(*Mortierella*)等真菌与其呈负相关。因此, 鞘脂单胞菌属(*Sphingomonas*)、Gp6、芽单胞菌属(*Gemmimonas*)、Gp4 等细菌和 *Mycothermus* 等真菌可能是造成甜瓜连作问题的关键微生物。表 7 列出了环境因子对微生物种群的变异解释度, 土壤 pH 对细菌和真菌群落变异解释度最高, 其中 pH 对细菌的解释度为 23%、对真菌的解释度为 53%, 说明土壤 pH 值是对土壤

微生物菌群改变贡献最大的因子。

## 3 讨论与结论

土壤养分失衡被认为是连作障碍之一<sup>[8]</sup>。本研究分析了设施甜瓜不同连作年限的土壤养分性质, 结果发现甜瓜连作使土壤氮、磷养分积累, 速效钾含量降低, 本研究结果与徐小军等<sup>[15]</sup>的研究结果相似。土壤养分变化与施肥习惯相关, 明确作物种植年限对土壤养分的影响可以为平衡施肥提供指导, 提高肥料利用率。pH 是土壤的重要化学性质, 受土壤母质、肥料种类和数量、种植年限等诸多因素的影响。在无人类干扰的自然条件下, 土壤酸化过程较为缓慢。然而, 由于过量施肥和不合理干扰等人为原因, 设施大棚土壤在 10–20 年, 甚至更短的时间内快速酸化。范庆锋等研究沈阳设施蔬菜栽培土壤 pH 发现, pH 值在第 3 年由 6.53 降至 6.00, 在第 6 年下降至蔬菜生理障碍临界 pH 值 5.52<sup>[16]</sup>。同样以设施蔬菜连作土壤为研究对象, 曹文超等的研究结果则表明山东寿光地区设施菜田土壤 pH 值随连作年限延长反而有升高的趋势, 其原因可能与有机肥中加入了石灰及当地灌溉水碱度有关<sup>[17]</sup>。本研究结果与曹文超等<sup>[17]</sup>的研究结果相似, 土壤 pH 值随连作年限增加呈上升趋势, 其原因可能与该区域施肥习惯有关。调查甜瓜种植户发现, 甜瓜种植地施有机肥 30 000 kg/hm<sup>2</sup>, 均为动物粪便有机肥, pH 值在 8.0 以上。另外, 该区灌溉水 pH 也为碱性水, pH 值平均 7.70<sup>[18]</sup>。

土壤酶活性是表征土壤质量、生态系统健康的重要指标<sup>[4]</sup>。张丽娜等研究 5 年甜瓜连作土壤的脲酶和碱性磷酸酶活性发现, 2 种酶活性分别下降了 31.25% 和 31.54%<sup>[19]</sup>。本研究分析了不同连作年限设施甜瓜土壤的蔗糖酶、脲酶、碱性磷酸酶和过氧化氢酶活性, 与前人研

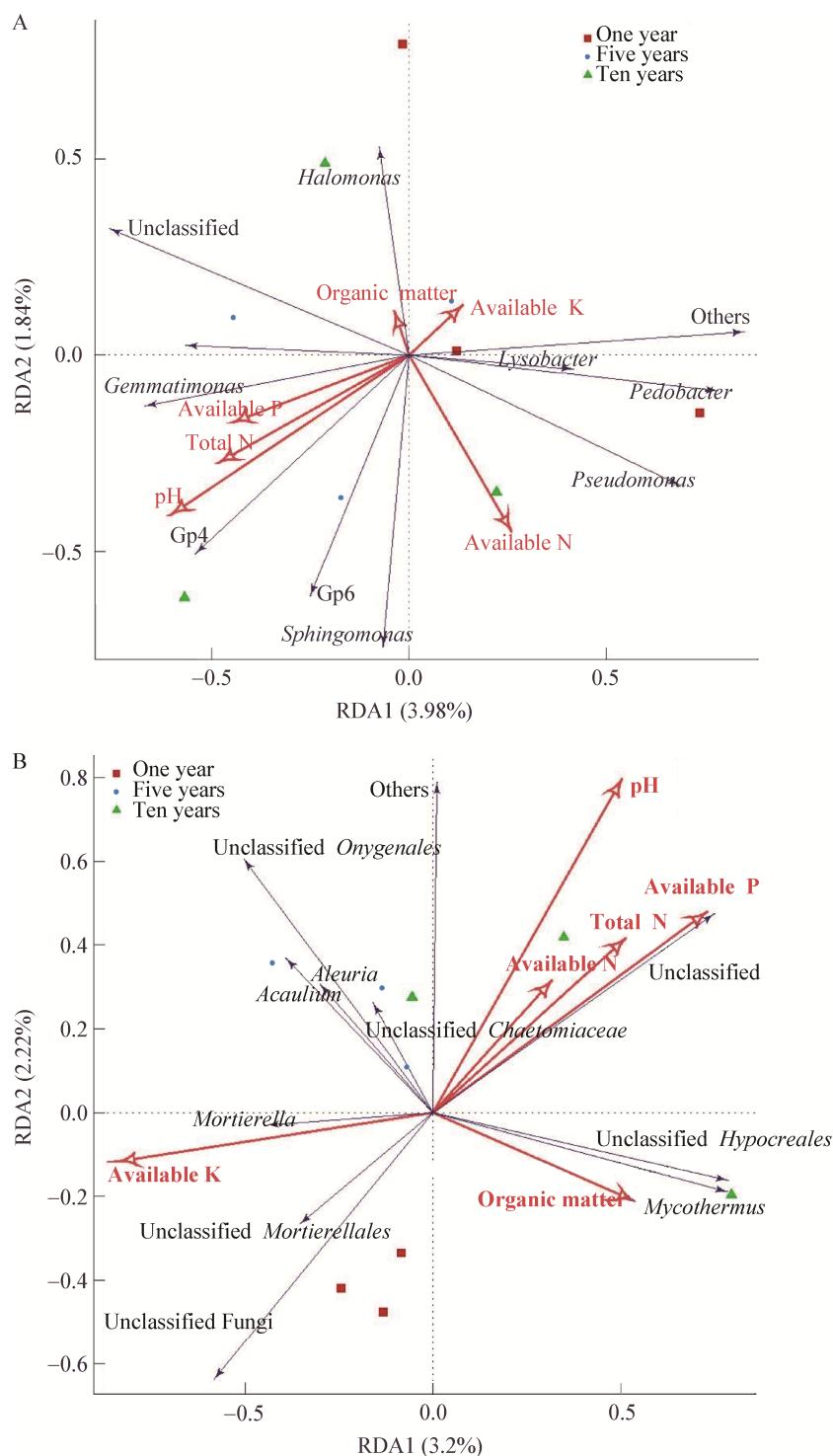


图 1 环境因子与主要细菌和真菌群落关系图 A: 细菌与环境因子的冗余分析图; B: 真菌与环境因子的冗余分析图。图中红色、蓝色和绿色图形分别代表种植 1 年、5 年和 10 年的土壤样品

Figure 1 Diagram of relationship between environmental factors and major bacterial and fungal communities. A: Bacteria; B: Fungi. Red, blue and green graph represent soil samples for 1 year, 5 years and 10 years, respectively.

表 7 环境因子对主要细菌和真菌群落的解释度

Table 7 Interpretation of environmental factors on major bacterial and fungal communities

环境因子 Environmental factor	细菌 Bacteria			真菌 Fungi		
	解释度 Explains (%)	伪-F Pseudo-F	P	解释度 Explains (%)	伪-F Pseudo-F	P
pH value	23.0	2.1	0.082	53.0	7.9	0.002
速效氮 Available nitrogen	13.2	1.2	0.298	9.20	1.5	0.264
速效磷 Available phosphorus	15.0	1.5	0.182	5.60	0.9	0.514
速效钾 Available potassium	13.4	1.5	0.252	5.60	0.8	0.538
总氮 Total nitrogen	5.40	0.5	0.642	6.60	1.0	0.482
有机质 Organic matter	4.60	0.4	0.720	4.10	0.5	0.720

究相似, 甜瓜连作导致土壤中蔗糖酶、脲酶、碱性磷酸酶活性降低, 说明连作使土壤中碳、氮、磷循环受阻, 养分供应能力下降<sup>[5-6,15]</sup>。然而, 土壤过氧化氢酶活性变化与上述3种酶活性不同, 呈现先下降后上升的趋势。研究结果与褚素贞等对不同棚龄土壤过氧化氢酶活性的研究结果相似, 该变化可能是因为随着棚龄的延长土传病害严重, 农民施用大量肥料和土壤杀菌剂进行土壤改良的缘故<sup>[20]</sup>。

微生物是土壤系统中最为活跃、对环境因子变化最为敏感的因子。连作种植导致的土壤环境因子变化会直接导致土壤微生物的变化。李春格等研究表明, 连作引起土壤细菌含量下降、真菌数量上升<sup>[21]</sup>。吴凤芝等对温室番茄微生物研究发现, 土壤中细菌和真菌的数量均随连作年限延长而大幅度降低<sup>[22]</sup>。本研究结果表明甜瓜连作后土壤中可培养细菌、放线菌和真菌的数量均呈现下降趋势。分析近年研究成果发现, 土壤微生物变化受种植作物、连作年限、日常管理等诸多因素的影响, 因而不同研究中不同种类微生物变化趋势不同, 但是多数研究表明连作土壤细菌/真菌的比值呈现下降趋势, 土壤“真菌型”转化明显, 导致土壤微生态环境恶化、病害增加<sup>[7,11,23]</sup>。然而, 本研究结果表明甜瓜种植5年时土壤细菌/真菌的比值

反而显著高于种植1年土壤, 种植10年与种植5年的细菌/真菌比值相比则呈现显著降低趋势, 可能是由于种植作物和管理措施不同致使“真菌化”情况也存在差异。

与可培养微生物数量相比, 土壤微生物群落多样性能够更全面地反映土壤微生物菌群的整体变化。本研究发现不同甜瓜连作年限土壤中细菌的优势菌门丰度变化较大, 其中变形菌门(*Proteobacteria*)、拟杆菌门(*Bacteroidetes*)、厚壁菌门(*Firmicutes*)的丰度降低, 酸杆菌门(*Acidobacteria*)和浮霉菌门(*Planctomycetes*)丰度增加。丰度降低的门中包括与土壤氮循环相关的根瘤菌属(*Rhizobium*)、堆囊菌属(*Sorangium*)等<sup>[23-24]</sup>, 与有害物质分解和促生长物质分泌相关的假单胞菌属(*Pseudomonas*)、溶杆菌属(*Lysobacter*)、类固醇杆菌属(*Steroidobacter*)、硫深海菌属(*Thiopropfundum*)、新鞘脂菌属(*Novosphingobium*)、芽孢杆菌属(*Bacillus*)等<sup>[15,25-27]</sup>。唐小付等研究也发现设施甜瓜连作种植导致土壤根瘤菌属(*Rhizobium*)、芽孢杆菌属(*Bacillus*)等有益菌属缺失<sup>[1]</sup>。

对土壤真菌多样性分析发现, 子囊菌门(*Ascomycota*)是土壤中的优势菌门, 甜瓜连作使该菌门的丰度进一步增加。李玉娇等研究设施黄瓜连作对土壤真菌群落影响时也发现, 子

囊菌门(*Ascomycota*)是连作土壤真菌群落的优  
势菌门，但丰度受连作年限影响不显著，说明  
作物和区域差异导致连作对子囊菌门丰度的影  
响也不同<sup>[28]</sup>。从属水平上分析发现，子囊菌门  
(*Ascomycota*)的16个属中有11个属的丰度随种  
植年限延长增加，包括核盘菌属(*Sclerotinia*)、  
轮枝孢属(*Verticillium*)、曲霉属(*Aspergillus*)、  
镰刀菌(*Fusarium*)等植物病原真菌。Li 等研究  
花生连作土壤微生物群落变化发现，连作使病  
原真菌相对丰度增加，导致花生产量下降、病  
害加重<sup>[29]</sup>。*Plectosphaerella*、轮枝孢属  
(*Verticillium*)、核盘菌属(*Sclerotinia*)等病原真菌  
属的丰度均随连作年限延长而增加<sup>[30-32]</sup>。研究  
影响植物生长的微生物机制是未来农业生态研  
究的重要方向，本研究结果提供了影响连作植  
物生长的微生物种群，也为连作土壤微生物菌  
群的定向改造提供了理论依据。

冗余分析能够获得连作障碍因子间的相关性。李玉娇等的研究表明，设施黄瓜土壤中速效  
磷、有机碳、硝态氮、速效钾和有机质含量是影  
响细菌和真菌群落结构变化的重要相关因素<sup>[28]</sup>。  
本研究采用冗余分析土壤化学性质、微生物群落  
的相关性发现，土壤 pH、全氮、速效氮、速效磷  
与鞘脂单胞菌属(*Sphingomonas*)、Gp6、假单胞菌  
属(*Pseudomonas*)、芽单胞菌属(*Gemmimonas*)、  
*Mycothermus* 等优势菌呈正相关。

总之，设施甜瓜连作种植造成土壤化学性  
质、酶活性及微生物多样性的改变，以此为依  
据进行肥料用量及种类的调整、微生物菌剂、  
生物有机肥、生物炭的应用，有目的地减少土  
壤中养分积累和缺失、调节 pH、改善土壤微  
生物群落结构，从而实现缓解甜瓜连作障碍、保  
障甜瓜产业可持续发展的目的。

## REFERENCES

- [1] 唐小付, 刘岳飞, 张传进, 姚华开, 杨尚东. 设施甜瓜种植年限对土壤生物学特性和细菌多样性的影响[J]. 热带作物学报, 2018, 39(8): 1493-1500
- Tang XF, Liu YF, Zhang CJ, Yao HK, Yang SD. Effect of different planting years on soil biological properties and bacterial diversity in protected cultivation of *Cucumis melo* L.[J]. Chinese Journal of Tropical Crops, 2018, 39(8): 1493-1500 (in Chinese)
- [2] 何天久, 吴巧玉, 曾宪浩, 唐健波, 雷尊国. 马铃薯连  
作障碍形成机制与调控措施研究进展[J]. 江苏农业科  
学, 2016, 44(4): 1-4
- He TJ, Wu QY, Zeng XH, Tang JB, Lei ZG. Research  
progress on the formation mechanism and control  
measures of potato continuous cropping obstacles[J].  
Jiangsu Agricultural Sciences, 2016, 44(4): 1-4 (in  
Chinese)
- [3] 段宏凯, 高利娟, 刘东生, 邹国元, 左强, 宋大平. 长  
期连作下不同栽培措施对设施蔬菜土壤理化性状的影  
响[J]. 江苏农业科学, 2018, 46(13): 276-280
- Duan HK, Gao LJ, Liu DS, Zou GY, Zuo Q, Song DP.  
Effects of different cultivation measures on soil physical  
and chemical properties of greenhouse vegetable under  
long-term continuous cropping[J]. Jiangsu Agricultural  
Sciences, 2018, 46(13): 276-280 (in Chinese)
- [4] 郭红伟, 郭世荣, 黄保健. 大棚辣椒不同连作年限土  
壤理化性质研究[J]. 江苏农业科学, 2011, 39(5):  
452-455
- Guo HW, Guo SR, Huang BJ. Study on the physical and  
chemical properties of soil in different continuous  
cropping years of *Capsicum* in greenhouse[J]. Jiangsu  
Agricultural Sciences, 2011, 39(5): 452-455 (in Chinese)
- [5] 周德平, 褚长彬, 刘芳芳, 范洁群, 姜震方, 吴淑杭.  
种植年限对设施芦笋土壤理化性状、微生物及酶活性  
的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 2012, 18(2): 459-466
- Zhou DP, Chu CB, Liu FF, Fan JQ, Jiang ZF, Wu SH.  
Effect of asparagu's cultivation years on  
physio-chemical properties, microbial community and  
enzyme activities in greenhouse soil[J]. Plant Nutrition  
and Fertilizer Science, 2012, 18(2): 459-466 (in Chinese)
- [6] 黎宁, 李华兴, 朱凤娇, 刘远金, 邝培锐. 菜园土壤微  
生物生态特征与土壤理化性质的关系[J]. 应用生态学  
报, 2006, 17(2): 285-290
- Li N, Li HX, Zhu FJ, Liu YJ, Kuang PR. Relationships  
between soil microbial ecological characteristics and  
physical-chemical properties of vegetable garden soil[J].  
Chinese Journal of Applied Ecology, 2006, 17(2):  
285-290 (in Chinese)
- [7] 周艳丽, 乔宏宇, 高红春, 李爽. 甜瓜连作对其根际土  
壤微生物和酶活性的影响[J]. 北方园艺, 2015(19):

- 158-161  
Zhou YL, Qiao HY, Gao HC, Li S. Effect of melon continuous cropping on rhizosphere soil microorganisms and enzyme activities[J]. Northern Horticulture, 2015(19): 158-161 (in Chinese)
- [8] Li WH, Liu QZ, Chen P. Effect of long-term continuous cropping of strawberry on soil bacterial community structure and diversity[J]. Journal of Integrative Agriculture, 2018, 17(11): 2570-2582
- [9] Zhang W, Du Y. Analysis of the succession of structure of the bacteria community in soil from long-term continuous cotton cropping in Xinjiang using high-throughput sequencing[J]. Archives of Microbiology, 2018, 200(4): 653-662
- [10] Liu ZX, Liu JJ, Yu ZH, Yao Q, Li YS, Liang AZ, Zhang W, Mi G, Jin J, Liu XB, Wang GH. Long-term continuous cropping of soybean is comparable to crop rotation in mediating microbial abundance, diversity and community composition[J]. Soil and Tillage Research, 2020, 197: 104503
- [11] Liu X, Li YJ, Ren XJ, Chen BH, Zhang Y, Shen CW, Wang F, Wu DF. Long-term greenhouse cucumber production alters soil bacterial community structure[J]. Journal of Soil Science and Plant Nutrition, 2020, 20(2): 306-321
- [12] 赵索, 周传余, 周超, 徐婷, 许健, 董扬, 武琳琳, 陈宇菲. 蔬菜不同轮作方式对甜瓜病害的影响[J]. 安徽农学通报, 2014, 20(6): 66-68  
Zhao S, Zhou CY, Zhou C, Xu T, Xu J, Dong Y, Wu LL, Chen YF. Effects of different vegetable crop rotation patterns on plant disease of muskmelon in greenhouse[J]. Anhui Agricultural Science Bulletin, 2014, 20(6): 66-68 (in Chinese)
- [13] 杜森, 高祥照. 土壤分析技术规范[M]. 第2版. 北京: 中国农业出版社, 2006  
Du S, Gao XZ. Technical Specification for Soil Analysis[M]. 2nd Edition. Beijing: China Agriculture Press, 2006 (in Chinese)
- [14] 林先贵. 土壤微生物研究原理与方法[M]. 北京: 高等教育出版社, 2010  
Lin XG. Principles and Methods of Soil Microbiology Research[M]. Beijing: Higher Education Press, 2010 (in Chinese)
- [15] 徐小军, 张桂兰, 周亚峰, 胡建斌, 许彦宾. 甜瓜设施栽培连作土壤的理化性质及生物活性[J]. 果树学报, 2016, 33(9): 1131-1138  
Xu XJ, Zhang GL, Zhou YF, Hu JB, Xu YB. Studies on the physical-chemical and biological properties of soils cropped continuously with melon under protected cultivation condition[J]. Journal of Fruit Science, 2016, 33(9): 1131-1138 (in Chinese)
- [16] 范庆锋, 张玉龙, 陈重. 保护地蔬菜栽培对土壤盐分积累及pH值的影响[J]. 水土保持学报, 2009, 23(1): 103-106  
Fan QF, Zhang YL, Chen C. Effects of protected field vegetable cultivation on soil salinity accumulating and pH[J]. Journal of Soil and Water Conservation, 2009, 23(1): 103-106 (in Chinese)
- [17] 曹文超, 张运龙, 严正娟, 王敬国, 李俊良, 陈清. 种植年限对设施菜田土壤pH及养分积累的影响[J]. 中国蔬菜, 2012(18): 134-141  
Cao WC, Zhang YL, Yan ZJ, Wang JG, Li JL, Chen Q. Effect of planting years on soil pH and nutrient accumulation in greenhouse vegetable fields[J]. China Vegetables, 2012(18): 134-141 (in Chinese)
- [18] 何锦, 范基姣, 刘元晴, 付雷, 李文鹏. 沧州地区微咸水水化学特征及灌溉水质评价[J]. 人民黄河, 2016, 38(5): 134-138  
He J, Fan JJ, Liu YQ, Fu L, Li WP. Geochemical characteristics and irrigation water quality evaluation of saline water in Cangzhou region[J]. Yellow River, 2016, 38(5): 134-138 (in Chinese)
- [19] 张丽娜, 于勇, 韩冰, 刘洋, 徐慧春, 张玲. 甜瓜连作对土壤肥力及酶活性的影响[J]. 黑龙江农业科学, 2016(6): 79-81  
Zhang LN, Yu Y, Han B, Liu Y, Xu HC, Zhang L. Effect of melon continuous cropping on soil fertility and soil enzyme activity[J]. Heilongjiang Agricultural Sciences, 2016(6): 79-81 (in Chinese)
- [20] 褚素贞, 张乃明, 史静. 云南省设施土壤过氧化氢酶活性变化趋势研究[J]. 中国农学通报, 2015, 31(15): 220-225  
Chu SZ, Zhang NM, Shi J. Research on the variation trend of greenhouse soil hydrogen peroxidase activities in Yunnan province[J]. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2015, 31(15): 220-225 (in Chinese)
- [21] 李春格, 李晓鸣, 王敬国. 大豆连作对土体和根际微生物群落功能的影响[J]. 生态学报, 2006, 26(4): 1144-1150  
Li CG, Li XM, Wang JG. Effect of soybean continuous cropping on bulk and rhizosphere soil microbial community function[J]. Acta Ecologica Sinica, 2006, 26(4): 1144-1150 (in Chinese)
- [22] 吴凤芝, 赵凤艳, 谷思玉. 保护地黄瓜连作对土壤生物化学性质的影响[J]. 农业系统科学与综合研究, 2002, 18(1): 20-22  
Wu FZ, Zhao FY, Gu SY. Effect of the continuous

- cultivating cucumber on the bio-chemical properties of soil in the plastic greenhouse[J]. System Sciences and Comprehensive Studies in Agriculture, 2002, 18(1): 20-22 (in Chinese)
- [23] Li TZ, Liu TT, Zheng CY, Kang CS, Yang ZC, Yao XT, Song FB, Zhang RZ, Wang XR, Xu N, et al. Changes in soil bacterial community structure as a result of incorporation of *Brassica* plants compared with continuous planting eggplant and chemical disinfection in greenhouses[J]. PLoS One, 2017, 12(3): e0173923
- [24] Yang HJ, Ma JX, Rong ZY, Zeng DD, Wang YC, Hu SJ, Ye WW, Zheng XB. Wheat straw return influences nitrogen-cycling and pathogen associated soil microbiota in a wheat-soybean rotation system[J]. Frontiers in Microbiology, 2019, 10: 1811
- [25] Yang L, Tan LL, Zhang FH, Gale WJ, Cheng ZB, Sang W. Duration of continuous cropping with straw return affects the composition and structure of soil bacterial communities in cotton fields[J]. Canadian Journal of Microbiology, 2018, 64(3): 167-181
- [26] Chen W, Teng Y, Li ZG, Liu WX, Ren WJ, Luo YM, Christie P. Mechanisms by which organic fertilizer and effective microbes mitigate peanut continuous cropping yield constraints in a red soil of south China[J]. Applied Soil Ecology, 2018, 128: 23-34
- [27] Brescia F, Marchetti-Deschmann M, Musetti R, Perazzolli M, Pertot I, Puopolo G. The rhizosphere signature on the cell motility, biofilm formation and secondary metabolite production of a plant-associated *Lysobacter* strain[J]. Microbiological Research, 2020, 234: 126424
- [28] 李玉娇, 刘星, 吴大付, 陈碧华, 任秀娟, 唐蛟. 温室黄瓜连作对土壤真菌数量和群落结构的影响[J]. 华北农学报, 2020, 35(1): 194-204
- Li YJ, Liu X, Wu DF, Chen BH, Ren XJ, Tang J. Effects of continuous cropping of greenhouse cucumber on soil fungal abundance and community structure province[J]. Acta Agriculturae Boreali-Sinica, 2020, 35(1): 194-204 (in Chinese)
- [29] Li XG, Ding CF, Zhang TL, Wang XX. Fungal pathogen accumulation at the expense of plant-beneficial fungi as a consequence of consecutive peanut monoculturing[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2014, 72: 11-18
- [30] Raimondo ML, Carlucci A. Characterization and pathogenicity assessment of *Plectosphaerella* species associated with stunting disease on tomato and pepper crops in Italy[J]. Plant Pathology, 2018, 67(3): 626-641
- [31] 李全胜, 孙国清, 梁飞, 王国栋, 谢宗铭, 陈云. 水分散粒剂 H14 对棉花黄萎病发生及土壤细菌群落的影响[J]. 西北农业学报, 2020, 29(3): 451-460
- Li QS, Sun GQ, Liang F, Wang GD, Xie ZM, Chen Y. Effect of water dispersible granule H14 on occurrence of cotton *Verticillium* wilt and soil bacterial community[J]. Acta Agriculturae Boreali-occidentalis Sinica, 2020, 29(3): 451-460 (in Chinese)
- [32] Larkin RP, Griffin TS. Control of soilborne potato diseases using *Brassica* green manures[J]. Crop Protection, 2007, 26(7): 1067-1077