

不同栽培模式对人参根际土壤微生物多样性的影响研究

王 勇^{1,2}, 何 舒¹, 熊冰杰¹, 王慧玲³, 贾凌云², 何霞红^{1*}, 施 蕊^{1*}

1. 西南林业大学, 西南山地森林资源保育与利用教育部重点实验室, 国家林业和草原局西南风景园林工程技术研究中心, 云南功能性花卉及产业化技术工程研究中心 云南 昆明 650224
2. 沈阳药科大学中药学院, 辽宁 沈阳 110016
3. 云南农业大学植物保护学院, 云南 昆明 650021

摘要: **目的** 以不同栽培模式下的人参根际土壤为研究对象, 分析红松下种植人参、农田土壤种植下的人参根际土壤微生物菌群多样性及群落功能特征的变化, 探讨环境土壤微生物对林下人参、大棚人参生长的影响。**方法** 采用第三代测序技术, 对不同种植模式人参根际土壤中的优势菌群和差异微生物进行分析。**结果** 在林下人参根际土壤中检测到 α -变形杆菌-13-2-20CM-2-64-7、慢生根瘤菌属的 *erythrophlei*、SP-URHD0069、Lablabi、硝化螺旋菌 SCGC-AG-212-E16、放线菌-13-1-2CM-4-69-9 为优势菌种, 这些固氮菌在加强了林下人参的养分吸收, 在增加森林碳汇方面起到积极作用, 同时增强了林下人参的抗逆性。相同年限的大棚人参根际土壤中检测出单胞菌、荧光假单胞菌、诺卡氏菌-SP-IS0805N、诺卡氏菌 *terrae*、 γ -变形杆菌-13-2-20CM-66-19 显著增多, 其中氨化细菌、纤维素分解菌、硝化菌丰度较高, 这与种植方式比如施肥, 翻耕、农药使用有密切联系。**结论** 不同的栽培模式影响着人参根际土壤微生物菌群多样性, 及菌群功能特征。为后期人参绿色种植提供理论依据, 为人参农林复合经营的可持续发展提供参考。

关键词: 林下人参; 根际土壤; 微生物多样性; 多样性分析; 栽培模式

中图分类号: R286 **文献标志码:** A **文章编号:** 0253-2670(2021)17-5303-08

DOI: 10.7501/j.issn.0253-2670.2021.17.023

Studied on microbial diversity of rhizosphere soil from different cultivated *Panax ginseng*

WANG Yong^{1,2}, HE Shu¹, XIONG Bing-jie¹, WANG Hui-ling³, JIA Ling-yun², HE Xia-hong¹, SHI Rui¹

1. Key Laboratory for Forest Resources Conservation and Utilization in the Southwest Mountains of China, Ministry of Education, Southwest Landscape Architecture Engineering Research Center of National Forestry and Grassland Administration, Southwest Forestry University, Kunming, 650224, China
2. College of Traditional Chinese Medicine, Shenyang Pharmaceutical University, Shenyang, 110016, China
3. College of Plant Protection, Yunnan Agricultural University, Kunming, 650201, China

Abstract: Objectives The rhizosphere soil of *Panax ginseng* under different cultivation modes which collected from Benxi, Liaoning Province were studied in this article. The diversity of rhizosphere soil and the changes in functional microbial communities were analyzed between under forestry *Panax ginseng* and Greenhouses *P. ginseng*. **Methods** Next generation sequencing technology was used to analyze the dominant flora and differential microorganisms in the rhizosphere soil of *P. ginseng* under different planting patterns. **Result** Alphaproteobacteria-bacterium-13-2-20CM-2-64-7, Bradyrhizobium-erythrophlei, Bradyrhizobium-SP-URHD0069, Bradyrhizobium-Lablabi, Nitrosomonas-sp-scGC-AG-212-E16 and actinomycetes-13-1-2 cm-4-69-9 were the dominant bacterias which detected from rhizosphere soil of *Panax ginseng* under forest. These nitrogen-fixing

收稿日期: 2021-07-06

基金项目: 国家重点研究计划(2018YFD0201107); 云南省重大科技专项(2019ZG00901, 202102AE090042); 国家中药材产业技术体系(CARS-21-05B); 云南省千人计划高端外国专家专项资助(2019013), 2020 年云南省级财政林业科技推广示范专项((2020)ts09 号)

作者简介: 王 勇(1995—), 男, 硕士研究生, 研究方向中药学。E-mail: 3032657477@qq.com

***通信作者:** 何霞红(1975—)博士, 教授, 博士生导师。E-mail: hexiahong@hotmail.com

施 蕊(1982—), 女, 沈阳药科大学 67 期中药学, 2004 级中药学硕士校友, 博士, 副教授。2020 年云南省高层次人才支持计划, 2019 年中国产学研合作创新奖二等奖, 主要从事林下中药材产业化研究。E-mail: shirui@swfu.edu.cn

bacteria enhanced the nutrient absorption of underforest *ginseng*, which played a positive role in increasing forest carbon sink, and enhanced the resistance of *ginseng*. In the same aged *ginseng* in greenhouse, there was a significant increase of Pseudomonadac、Pseudomonas-fluorescens, Nocardioideis-sp-Iso805N, Nocardioideis-terrae, Gammaproteobacteria-bacterium-13-2- 20CM-66-19 in its rhizosphere soil. Among them, ammoniating bacteria, cellulose decomposing bacteria and nitrification bacteria are abundant, by which related to planting methods such as fertilization, tillage and pesticide used. **Conclusion** Different cultivation patterns affect the diversity and functional characteristics of rhizosphere soil microflora of *ginseng*, This study provides theoretical basis for green *ginseng* planting in the later stage and provides reference for the sustainable development of *ginseng* agroforestry.

Key words: *Panax ginseng* C.A. Meyer; rhizosphere soil; microbial diversity; diversity analysis; cultivation patterns

人参 *Panax ginseng* C. A. Meyer 为五加科人参属植物, 是我国重要的传统中药, 也是历史悠久的药食两用天然资源, 人参中主要活性成分人参皂苷对神经系统、心血管系统以及肿瘤等疾病均具有较好的临床应用价值, 已应用于多种疾病的治疗和预防, 在中医药发展中有着重要的地位和作用^[1-2]。然而人参生长周期长, 连作障碍严重, 随着人们对人参需求的持续增长, 人参资源供应日趋紧张, 解决人参供给问题, 对于促进人参经济产业发展具有重要性。近年来, 中药材的生态种植倍受关注, 并迅速发展。2018 年黄璐琦院士在全国中药材生产形势分析会上提出“八化发展”时明确指出“种植生态化”。郭兰萍等^[3-5]结合中药材的特点, 从生态农业的视角提出了中药生态农业发展模式, 林下种植通过对森林土地资源的利用以及借助于林荫优势, 可以大大提高林地的经济效益和生态效益, 对我国生态文明建设有着重要的现实意义。据统计, 世界人参总产量约 8500 t, 其中辽宁省产量为 5000 t, 约占世界总产量的 60%, 占全国的 80%, 辽宁山区自然资源丰富, 植被主要是以阔叶次生林、人工针叶林(落叶松和红松)以及灌木林为主, 生态条件优良, 极其适合林下人参的种植, 林下种植成为解决人参供不应求问题的途径之一^[6-8]。

林下人参种植中, 因地制宜以松林凋落物作为林下人参生长环境, 一方面松林凋落物的分解使植物中的无机元素逐步归还土壤, 保持了土壤肥力; 另一方面凋落物也给土壤生物提供了营养物质。土壤微生物作为松林凋落物不可或缺的分解者, 群落多样性的改变能反应土壤质量的动态变化, 其功能多样性变化也能直接反映松林生态环境系统状况^[9-11]。因此, 微生物在林下人参生长及松林生态环境扮演着重要角色。

随着分子生物学技术的广泛应用, 本研究采用第三代测序技术, 从林下人参、大棚人参根际土壤微生物菌群多样性, 及群落功能特征的变化

度, 探讨环境土壤微生物与对林下人参、大棚人参生长的影响, 为林下人参健康土壤种植, 及今后林下人参复合经营的可持续发展提供参考。

1 材料与方法

1.1 材料

大棚人参(NPS)样本采集于辽宁省本溪市本溪满族自治县艾家堡子二号桥(124°1'5.12" N, 40°56'1.74"E); 林下人参(PS)样本采集于辽宁省本溪市本溪满族自治县东营坊乡南营坊村(124°7'25" N、41°29'8"E)。沈阳药科大学中药学院中药资源教学研究室贾凌云博士鉴定为人参 *P. ginseng* C. A. Meyer。土壤样本委托云南君维生物科技有限公司检测。

2 方法

2.1 土壤的采集

PS、NPS 根际土壤采集于 2021 年 3 月 20 日辽宁省本溪进行, 土样采样采用分层取样的方法。地表至 10 cm 为表层土、10~20 cm 为根层、30 cm 为底层, 每个点取 3 份, 3 份混合到一起为一个样本, 其中随机采集 3 个样本林下人参根际土壤(PS1、PS2、PS3), 3 个样本大棚根际土壤(NPS1、NPS2、NPS3)。将新鲜土样装入无菌自封袋, 用冰盒迅速带回实验室, 过筛采用尼龙筛(过 100 目筛), 去除杂物后分为样品经冷冻干燥后, 用于土壤分析。并采集各土壤样本的人参植株, 抖去根际土壤, 测植株高度及质量。分析不同栽培模式下人参生长状况^[12]。

2.2 基因测序

2.2.1 基因组 DNA 的提取和 PCR 扩增 采用 CTAB 方法对样本的基因组 DNA 进行提取, 之后利用琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 的纯度和浓度, 取适量的样本 DNA 于离心管中, 使用无菌水稀释样本至 10 ng/μL。以稀释后的基因组 DNA 为模板, 根据测序区域的选择, 使用带 Barcode 的特异引物, New England Biolabs 公司的 Phusion® High-Fidelity

PCR Master Mix with GC Buffer, 和高效高保真酶进行 PCR, 确保扩增效率和准确性。引物对应区域: 16S V4 区引物 (341F 和 806R): 鉴定细菌多样性; 引物为 341F (5'-ACTCCTACGGGAGGCAGC-AG-3') 和 806R (5'-GGACTACHVGGGTWTCT-AAT-3'); ITS1 区引物 (ITS1F 和 ITS1R): 鉴定真菌多样性; 引物序列为 ITS1F (5'-CTTGGTCATT-TAGAGGAAGTAA-3') 和 ITS1R (5'-GCTGCGTT-CTTCATCGATGC-3'), 此外, 扩增区域还包括 16S V3-V4/16S V4-V5/16SV5-V7; 古菌 16S V4-V5/古菌 16S V8; 18S V9 和 ITS2 区。

2.2.2 PCR 产物的混样和纯化 PCR 产物使用 2% 浓度的琼脂糖凝胶进行电泳检测; 根据 PCR 产物浓度进行等量混样, 充分混匀后使用 2% 的琼脂糖凝胶电泳检测 PCR 产物, 对目的条带使用 Qiagen 公司提供的胶回收试剂盒回收产物。

2.2.3 文库构建和上机测序 使用 TruSeq® DNA PCR-Free Sample Preparation Kit 建库试剂盒进行文库构建, 构建好的文库经过 Qubit 和 Q-PCR 定量, 文库合格后, 使用 NovaSeq6000 进行上机测序。

2.3 数据处理与分析

用 Qiime 软件 (Version 1.9.1) 计算 Unifrac 距离, 构建 UPGMA 样本聚类树。使用 R 软件 (Version 2.15.3) 绘制 PCA, 数据采用 SPSS v19.0 进行统计分析和方差分析 (LSD, $P < 0.05$ 用 Microsoft Excel 2013 进行绘图, LEfSe 软件估算每个组分 (物种) 丰度对差异效果影响的大小。

3 结果与分析

3.1 不同栽培模式下人参根际土壤微生物群落组成分析

为了研究 PS、NPS 土壤微生物群落差异, 对 PS 组绘制圆饼图 (图 1), 在门水平, 变形菌门 (Proteobacteria)、放线菌门 (Actinobacteria)、疣微菌门 (Verrucomicrobia)、绿弯菌门 (Chloroflexi) 占比分别为 44%、11%、11%、12%, 其他占比为 22%; 在纲水平占比分别为 52%、8%、12%、1%, 其他占 27%。对 NPS 组绘制圆饼图 (图 2), 在门水平, 变形菌门、绿弯菌门、疣微菌门占比分别为 46%、8%、8%, 其他占 38%。在纲水平上占比分别为 40%、2%、12%, 其他占 46%, 在门水平下, 对 PS、NPS 前 10 的优势菌群作柱形图 (图 3), 分别是变形菌门、放线菌门、疣微菌门、酸杆菌门 (Acidabacteria)、硝化螺旋菌门 (Nitrospira)、绿弯

菌门、担子菌门 (Basidiomycota)、蓝菌门 (Cyanobacteria)、芽单胞菌门 (Gemmatimonadetes), 分析发现 PS、NPS 土壤微生物优势种群结构相似, 但各样本土壤细菌丰度存在差异, 其中放线菌门较高。在属水平下, 丰度前 10 的微生物柱形图 (图 4) 发现, NPS2 中假单胞菌丰度高, 基于 Bray-Curtis 距离 (图 5) 对 PS、NPS 土壤微生物进行 NMDS 分析 (图 6), 分析结果表明, PS、NPS 土壤微生物群落组成具有明显差异, 结果与柱形图分析相互验证, 大量试验证明, 微生物产生的约 8000 种生物活性物质中, 近 70% 由变形菌门、放线菌、产生。农业生产中, 变形菌、放线菌通过产生抗生素、生长调节

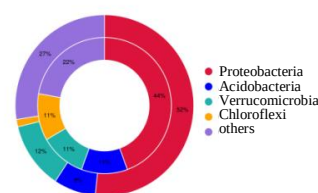


图 1 PS 根际微生物群落组成

Fig. 1 Microbial community composition in rhizosphere of under forestry *Panax ginseng* (PS)

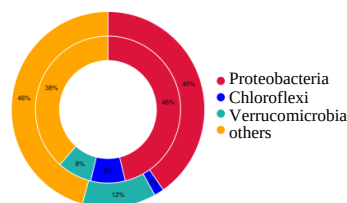


图 2 NPS 根际微生物群落组成

Fig. 2 Microbial community composition in rhizosphere of Greenhouses *P. ginseng* (NPS)

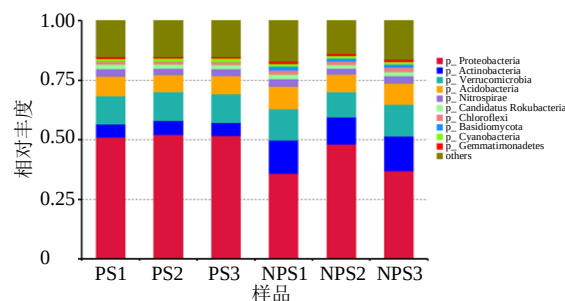


图 3 门水平下不同栽培模式人参丰度前 10 微生物群落结构特征

Fig. 3 Characteristics of the top 10 microbial community in abundance at the level of phylum in different from different cultivated *Panax ginseng*

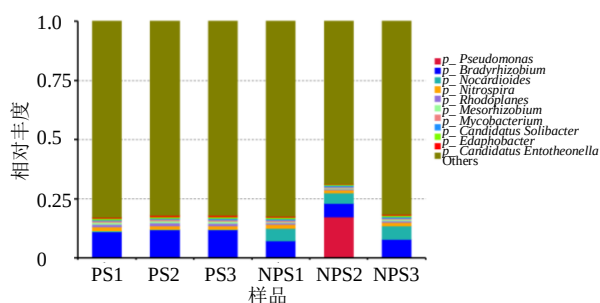


图 4 属水平下不同栽培模式人参丰度前 10 的微生物群落结构特征

Fig. 4 Characteristics of the top 10 microbial community in abundance at the level of genus in different from different cultivated *Panax ginseng*

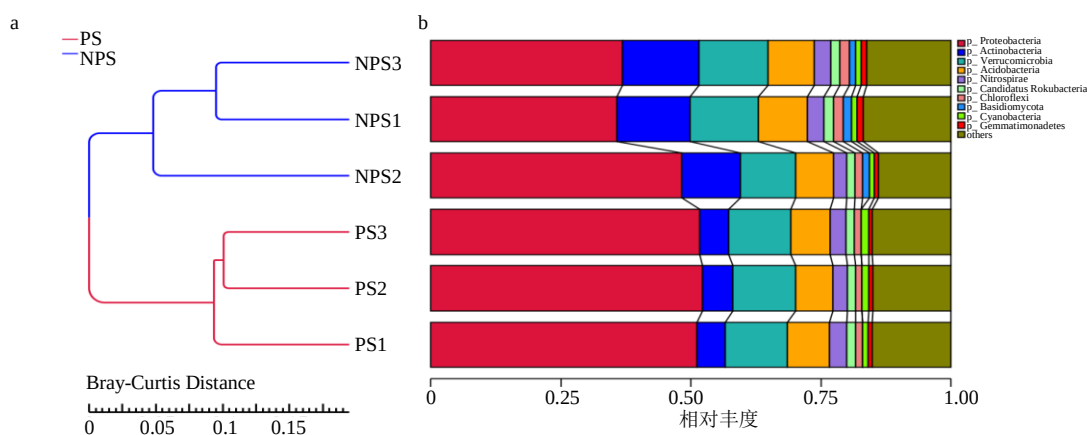


图 5 Bray-Curtis 距离聚类树结构 (a) 和在门水平上的物种相对丰度分布 (b) 图

Fig. 5 Bray-Curtis distance cluster tree structure (a) and relative species abundance distribution of each sample at phylum level (b)

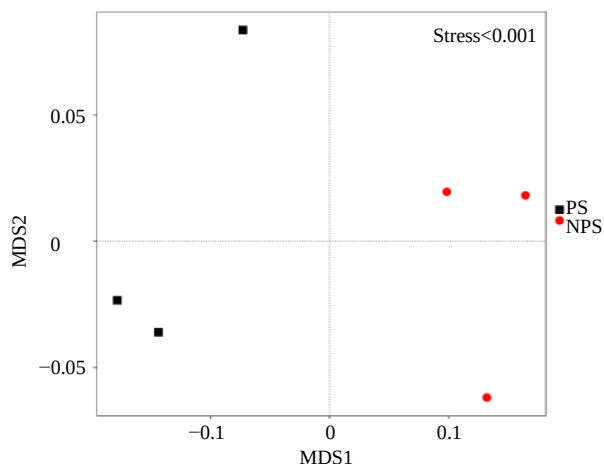


图 6 PS and NPS 组根际微生物门水平 NMDS 图

Fig. 6 NMDS of Microbial community in rhizosphere of PS and NPS at phylum level

水平, 对 PS、NPS 土壤微生物群落的 β 多样性进行分析 (图 8), 评估其群落组成相似性及差异性

剂、水解酶和生物碱等活性物质, 有效调节土壤微生物区系, 改善土壤微域环境, 进而诱导植物产生抗性, 达到控制植株病害、促进生长的作用^[13-15]。

3.2 不同栽培模式下人参根际土壤微生物种水平丰度聚类、主成分分析

聚类分析是一种多元统计分析方法, 在种水平对 PS、NPS 土壤微生物进行聚类分析后绘制热图, 如图 7 所示, 颜色越接近红色说明微生物在对应样本中的数量越高聚集越显著, 越接近于蓝色含量越少, PS1、PS2、PS3 中微生物种类聚集在左下角。

NPS1、NPS2、NPS3 中微生物种类聚集在右上角, 在聚类热图中 PS 与 NPS 中聚集的位置不同, PS 与 NPS 2 组样品之间存在明显的差异。同时在种

情况。从图 8-b 看出, NPS 中, 2 个要作用的微生物类群, 其中变形杆菌丰度最大。NPS 组主要是丙酸杆菌科的假单胞菌、未知型 γ -变形杆菌科、 γ -变形杆菌科的 γ -变形杆菌-13 220CM-66 诺卡氏科的诺卡氏菌-sp-Iso805N、伞菌纲、放线菌纲, 其中丙酸杆菌科的假单胞菌、诺卡菌对其影响程度最大。结合进化分支图 (图 9) 可知, PS 组包括 4 门 6 纲 9 目 9 科 8 属, NPS 组包括 2 门 5 纲 6 目 6 科 3 属。PS 组内有差异的标志物相对较多, 各类菌群在 PS、NPS 的占比有所不同, 且在其它丰度较低的菌群类别上也有所差别。

3.3 不同栽培模式下人参根际土壤微生物显著差异物种的聚类热图分析

基于上述 LEfSe 软件筛选出的组间具有差异的物种, 在属水平对差异物种绘制聚类热图以反映这些差异物种在各样品中分布情况。基于差异物种的聚类热图展示结果如图 10 所示。

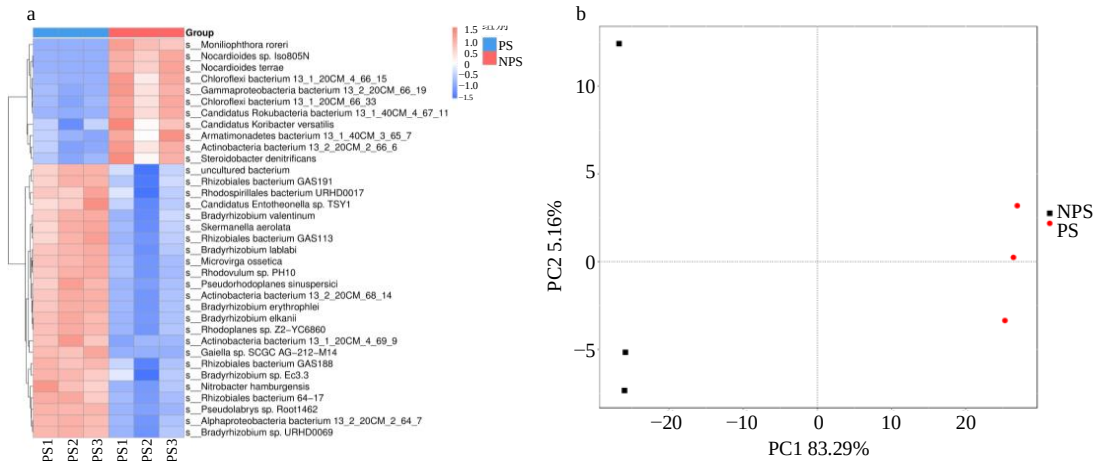


图 7 PS、NPS 根际微生物聚类热图 (a) 和二维空间 PCA (b)

Fig. 7 Cluster analysis heatmap (a) and Two dimensional PCA (b) of Microbial community in rhizosphere of PS and NPS

PS1 中, 鞘脂单胞菌属 *Sphingomonas*、新鞘脂菌属 *Novosphingobium* 高度聚集; 黄色杆菌属 *Pseudolabrys*、*Pseudorhodoplanes* 属是 PS2 中优势微生物、慢生根瘤菌属 *Bradyrhizobiaceae*、红游菌属 *Rhodoplanes* 在 PS3 广泛存在、慢生根瘤菌属 *Bradyrhizobium* 是一种固氮菌, 可以为植物和土壤微生物提供氮源, 对植物生长有重要作用。这些特殊微生物群落可能与林下人参抗逆性, 药用成分积累有关, 假单胞菌属 *Pseudomonas* 在 NPS2 组中丰度高度聚集。丙酸杆菌亚目诺卡氏菌属 *Nocardioides*、真菌属 *Moniliophthora* 在 NPS 中丰度较高。红游动菌属 *Rhodoplanes* 可能是引起 PS 根腐病生的关键菌群, 后续研究应重点关注。

3.4 不同栽培模式下人参生长状况

不同种植方式人参生长状况不同, 如表 1、2 所示, 其中 NPS 组平均株高 (45.2 cm) 明显高于

PS 组平均株高 (27.8 cm), NPS 组平均根质量 (0.70 g) 明显重于 PS 组平均根质量 (0.20 g), NPS 组根质量与株高成正比。NPS 组生长优于 PS 组。

4 讨论

研究表明, 不同栽培模式下人参微生物群落的多样性显著不同。分析发现大棚人参土壤真菌数量增加, 在纲的水平发现, NPS 组绿弯菌纲高于 PS 组, 特别是某些致病真菌的增加, 导致土壤微生物出现从“细菌性”型, 到“真菌型”的转变。Dong 等^[16]发现三七连续种植体系下, 死苗率与真菌多样性显著相关, 致病群落 *F. oxysporum* 丰度增加; 白容霖等^[17]在吉林省人参根腐病原真菌种类的研究表明, 在人参生长过程中多数病害的发生是由于真菌的感染导致的, 真菌的增加也是是参地土壤性状变劣的主要原因之一^[18]。

大棚人参种植中连作障碍是常见的种植问题, 连

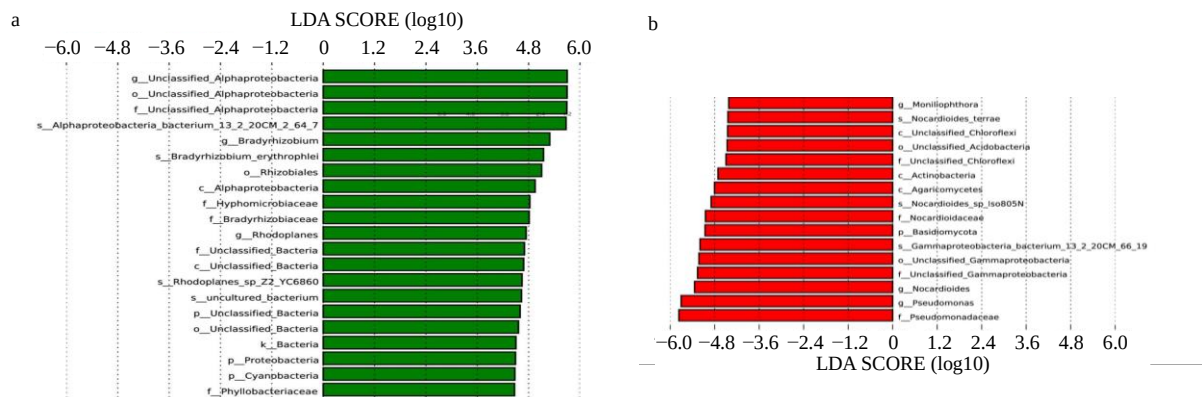


图 8 PS (a) 和 NPS (b) 参根际微生物群落 LDA 值分布图

Fig. 8 LDA score of Microbial community in rhizosphere of PS (a) and NPS (b)

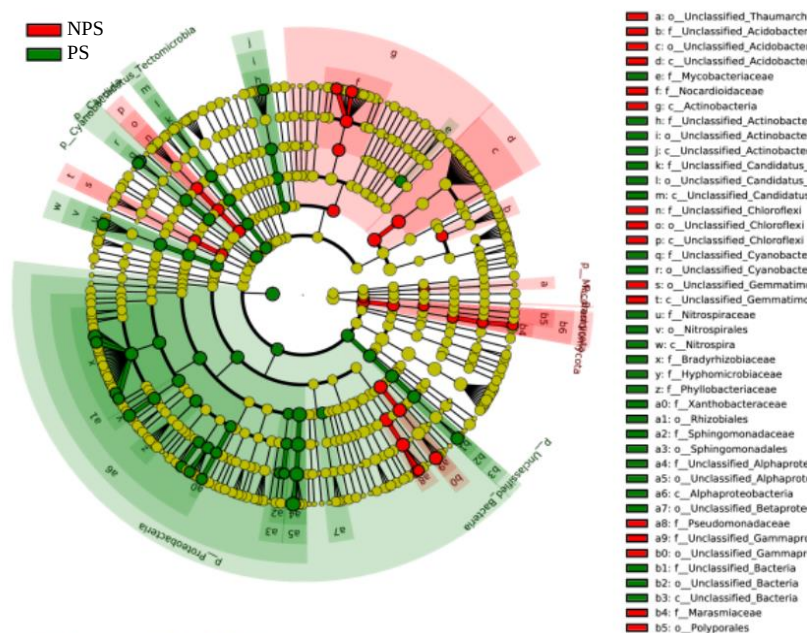


图 9 PS、NPS 根际微生物差异物种的进化分支图

Fig. 9 cladogram of different Microbial community in rhizosphere of PS and NPS

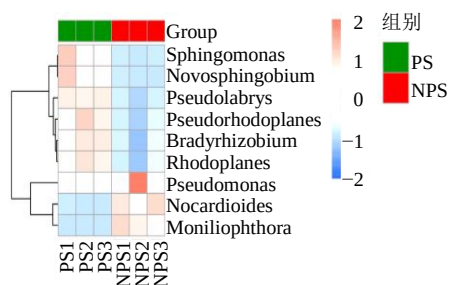


图 10 PS 和 NPS 根际土壤显著差异微生物群落聚类热图

Fig. 10 Cluster analysis heatmap of Significantly different Microbial community in rhizosphere of PS and NPS

表 1 2 年 PS 生长数据

Table 1 Two years of underforest ginseng growth data

序号	地上高度/cm	根长/cm	株高/cm	人参根质量/g	人参地上质量/g
PS1	21.2	6.5	27.7	0.21	0.32
PS2	19.4	5.4	24.8	0.17	0.25
PS3	23.4	7.5	30.9	0.23	0.31
平均值	21.3	6.4	27.8	0.20	0.29

表 2 2 年 NPS 生长数据

Table 2 Two years of greenhouse ginseng growth data

序号	地上高度/cm	根长/cm	株高/cm	人参根质量/g	人参地上质量/g
NPS1	32.1	13.6	45.7	0.70	1.12
NPS2	27.4	12.4	39.8	0.68	0.93
NPS3	35.3	14.8	50.1	0.74	1.23
平均值	31.6	13.6	45.2	0.70	1.06

作障碍与微生物群落的动态变化、土传致病微生物的增加、土壤的盐分累积和酸化、营养失衡和植物化感作用等有关,其中土壤微生物群落多样性、土壤致病细菌的数量是连作障碍形成的几个关键因素^[19-23]。在 NPS 中, α -变形门假单胞属细菌聚集, 现有的研究表明, 假单胞属细菌在三七连作障碍的形成过程中具有较强的致病性, 张子龙等^[24]通过高通量 16S rRNA 测序, 研究三七健康与根腐病植株根际与根内细菌发现, 根际和根内根腐病植株的假单胞属多样性均显著高于健康植株。同时本研究还观察到, 在 NPS 组中, 临床耐药相关的细菌诺卡氏菌-sp-Iso805N 大量聚集, 诺卡氏菌属 *Nocardia* 是土壤中发现的革兰氏阳性环境细菌。广泛存在于水、土壤、尘埃、腐烂的植物以及动物的排泄物中^[25-28]。耐药细菌含有大量耐药基因, 据报道, 一些致病细菌 *R. solanacearum*、*Acinetobacter* sp. 耐药基因能通过根系吸收进入烟草体内^[7]。Demaneche 等^[29]研究发现 blaTEM116 基因在转基因玉米 (Bt176) 中被频繁检出, 耐药基因长期积累对人体带来很大的威胁和风险, 诺卡氏菌属等的耐药基因是否随食物链进入人体, 这也是严重环境问题, 这同时为指导大棚人参对农粪使用及栽培方式的改变具有重要意义。

在 PS 组中 α -变形菌纲慢生根瘤菌, 放线菌是主要组成者, 放线菌可以产生多种抗生素, 前人研

究表明,放线菌剂对人参连作障碍的修复具有重要的应用价值,可以调控土壤微生物区系平衡,增加有益菌数量。同时,放线菌对人参也有促生作用,有利于人参根系干物质积累,显著提高参根人参皂苷 Re 含量^[30]。近年来根瘤菌对植物土传病害生物防治广泛推广,Whipps 等^[31]研究发现根瘤菌可以产生一种抗生素香草木樨毒素(Trifolitoxin)抑制病原菌的生长,根瘤菌在改善土壤理化性质中扮演着重要角色,李艳等^[32-33]选用了不同的豆科绿肥植物研究了它们对土壤修复的影响,发现长期种植紫花苜蓿和林生山豆的人工草地的土壤盐分含量明显降低,0~40 cm 土层脱盐最为强烈,脱盐率达 47.8%~48.8%,0~20 cm 土层的有机质、全氮含量分别提高了 28.4%、42.5%和 95.6%、69.8%^[34],碳氮含量直接影响土壤微生物丰度。目前对于多数根瘤菌的研究仍集中在豆科植物紫花苜蓿重金属毒性、抗性机制等研究阶段,在根瘤菌对五加科人参属植物影响鲜见,这为人参林下种植及克服连作障碍提供新途径。

不同种植方式影响土壤微生物丰度与结构,在 PS 组根际土壤中变形菌门、放线菌门、绿弯菌门、疣微菌门是主要的优势菌群,其中 α -变形杆菌-13-2-20CM-2-64-7、慢生根瘤菌 *erythrophlei*、慢生根瘤-SP-URHD0069、慢生根瘤菌-Lablabi、硝化螺旋菌-SP-SCGC-AG-212-E16、放线菌-13-1-2CM-4-69-9 大量聚集,这些有益菌具有独特的固氮能力,在土壤的碳氮循环中扮演重要的角色,与 PS 组抗逆性较高,不易感病的原因相关。NPS 组根际土壤中假单胞菌、荧光假单胞菌、诺卡氏菌-SP-IS0805N、诺卡氏菌-terrae、 γ -变形杆菌-13-2-20CM-66-19 大量聚集,其中氨化细菌、纤维素分解菌、硝化菌丰度较高,这与种植方式比如施肥、翻耕、农药使用有密切联系。农药的使用是引起假单胞菌属、诺卡菌属增加的原因。大棚种植肥料使用,改变了根际土壤环境,提高了微生物数量,促进了根系的生长,这也是与相同年限 PS 相比,体积及质量远大于 PS 组原因。人参的生长与品质与土壤健康密切相关,微生物在土壤健康中扮演重要角色。本实验仅就种植方式对人参根际微生物差异进行分析,而关于种植方式影响土壤理化性质缺乏详细的分析,因此今后还有待于进一步探讨。在大棚人参种植中,可通过筛选有益菌群,合理施肥,提高 NPS 抗虫害能力及品质,同时为人参种植回归

山林提供理论依据,为人参农林复合经营的可持续发展提供参考。

利益冲突 所有作者均声明不存在利益冲突

参考文献

- [1] 中国药典 [S]. 一部. 2020: 8.
- [2] 李红艳, 赵雨, 孙晓迪, 等. 人参蛋白对小鼠免疫功能影响的研究 [J]. 亚太传统医药, 2010, 6(1): 14-16.
- [3] 郭兰萍, 周良云, 莫歌, 等. 中药生态农业: 中药材 GAP 的未来 [J]. 中国中药杂志, 2015, 40(17): 3360-3366.
- [4] 郭兰萍, 王铁霖, 杨婉珍, 等. 生态农业: 中药农业的必由之路 [J]. 中国中药杂志, 2017, 42(2): 231-238.
- [5] 郭兰萍, 吕朝耕, 王红阳, 等. 中药生态农业与几种相关现代农业及 GAP 的关系 [J]. 中国现代中药, 2018, 20(10): 1179-1188.
- [6] 马广平. 人工落叶松与天然林发展林下参种植条件的对比 [J]. 科学技术创新, 2018(26): 151-152.
- [7] 姬少玲. 东北地区人参种植业现状与存在问题 [J]. 辽宁林业科技, 2015(3): 49-51.
- [8] 徐善光. 辽东山区林下经济发展现状与建议 [J]. 农业开发与装备, 2019(7): 63.
- [9] 郭剑芬, 杨玉盛, 陈光水, 等. 森林凋落物分解研究进展 [J]. 林业科学, 2006, 42(4): 93-100.
- [10] 张亚玉, 孙海, 宋晓霞. 农田栽参根区土壤酶活性与土壤养分的关系 [J]. 吉林农业大学学报, 2010, 32(6): 661-665, 683.
- [11] 肖春萍, 杨利民, 马锋敏. 栽培年限对人参根际土壤微生物活性及微生物量的影响 [J]. 中国中药杂志, 2014, 39(24): 4740-4747.
- [12] 朱梦杰. 污染场地土壤初步调查布点及采样方法探讨 [J]. 环境监控与预警, 2015, 7(6): 51-54.
- [13] 申屠旭萍, 于冰, 边亚琳, 等. 拮抗链霉菌 B28 的分类鉴定及其生防作用研究 [J]. 植物病理学报, 2012, 42(1): 105-109.
- [14] 余妙, 蒋景龙, 任绪明, 等. 西洋参根腐病发生与根际真菌群落变化关系研究 [J]. 中国中药杂志, 2018, 43(10): 2038-2047.
- [15] 田苗, 房敏峰, 黄建新. 根际土壤微生物变化对西洋参种植的影响 [J]. 生物学杂志, 2011, 28(5): 38-41.
- [16] Dong L, Xu J, Feng G, et al. Soil bacterial and fungal community dynamics in relation to *Panax notoginseng* death rate in a continuous cropping system [J]. *Sci Rep*, 2016, 6: 31802.
- [17] 白容霖, 刘学敏, 刘伟成. 吉林省人参根腐病原真菌种类的研究 [J]. 植物病理学报, 1999, 29(3): 285.
- [18] 李自博, 解宇娇, 周如军, 等. 人参连作对土壤真菌种类及数量的影响 [A] // 中国植物病理学会. 中国植

- 物病理学会 2014 年学术年会论文集 [C]. 沈阳: 中国植物病理学会, 2004: 637-638.
- [19] 张连学, 陈长宝, 王英平, 等. 人参忌连作研究及其解决途径 [J]. 吉林农业大学学报, 2008, 30(4): 481-485.
- [20] 李敏娜. 人参根系分泌物对根际土壤微生态的影响 [D]. 长春: 吉林农业大学, 2008.
- [21] 李世昌, 刘梅娟, 卢凤勇, 等. 栽参对土壤微生物生态及土壤酶活性的影响 [J]. 生态学报, 1983, 3(1): 29-34.
- [22] 张镇瑗, 陈珊, 夏红梅, 等. 不同土壤栽参后对土壤分解微生物生态和有机质的分解作用 [J]. 东北师大学报: 自然科学版, 1993, 25(2): 95-99.
- [23] 刘莉, 刘大会, 金航, 等. 三七连作障碍的研究进展 [J]. 山地农业生物学报, 2011, 30(1): 70-75.
- [24] 张子龙, 王文全, 缪作清, 等. 主成分分析在三七连作土壤质量综合评价中的应用 [J]. 生态学杂志, 2013, 32(6): 1636-1644.
- [25] Wu Z, Hao Z, Zeng Y, *et al.* Molecular characterization of microbial communities in the rhizosphere soils and roots of diseased and healthy *Panax notoginseng* [J]. *Antonie Van Leeuwenhoek*, 2015, 108(5): 1059-1074.
- [26] McGuinness S L, Whiting S E, Baird R, *et al.* Nocardiosis in the tropical northern territory of Australia, 1997-2014 [J]. *Open Forum Infect Dis*, 2016, 3(4): 208.
- [27] Valdezate S, Garrido N, Carrasco G, *et al.* Epidemiology and susceptibility to antimicrobial agents of the main *Nocardia* species in Spain [J]. *J Antimicrob Chemother*, 2017, 72(3): 754-761.
- [28] Kay E, Vogel T M, Bertolla F, *et al.* *In situ* transfer of antibiotic resistance genes from transgenic (transplastomic) tobacco plants to bacteria [J]. *Appl Environ Microbiol*, 2002, 68(7): 3345-3351.
- [29] Demanèche S, Sanguin H, Poté J, *et al.* Antibiotic-resistant soil bacteria in transgenic plant fields [J]. *Proc Natl Acad Sci USA*, 2008, 105(10): 3957-3962.
- [30] 张鸿雁, 薛泉宏, 申光辉, 等. 放线菌制剂对人参生长及根域土壤微生物区系的影响 [J]. 应用生态学报, 2013, 24(8): 2287-2293.
- [31] Whipps J M. Prospects and limitations for mycorrhizas in biocontrol of root pathogens [J]. *Can J Bot*, 2004, 82(8): 1198-1227.
- [32] 李艳, 张如莲, 刘国道, 等. 施用豆科绿肥后砖红壤酸度随时间的动态变化 [J]. 热带作物学报, 2011, 32(3): 427-431.
- [33] 李艳, 刘国道, 张如莲, 等. 施用热带豆科绿肥对砖红壤 pH 值的动态影响及其机制研究 [J]. 土壤, 2012, 44(1): 101-106.
- [34] 董晓霞, 刘兆辉, 李志禄, 等. 豆科牧草对滨海盐渍土壤盐分特性和肥力影响的研究 [J]. 安徽农业科学, 2008, 36(14): 6060-6062.

[责任编辑 时圣明]