

DOI: 10.13718/j.cnki.xdzk.2018.05.007

生物有机肥对黄壤烟田真菌群落结构和烟叶产质量的影响^①

王彦琨¹, 韦建玉², 金亚波², 缪闯和¹,
徐 宸³, 周鑫斌¹, 谢德体¹

1. 西南大学 资源环境学院, 重庆 400715; 2. 广西中烟工业有限责任公司, 南宁 530001;
3. 重庆烟草科学研究所, 重庆 400715

摘要: 采用定位田间试验, 研究生物有机肥对黄壤烟田真菌群落结构和烟叶产质量的影响. 结果表明, 黄壤烟田连续 3 年定点施用生物有机肥后, 可以改善黄壤烟田土壤真菌群落结构, 烟田真菌群落多样性提高. 施用生物有机肥处理, 可使土壤优势真菌群中有利的子囊菌门粪壳菌目(*Sordariales_unclassified*)和肉座菌目(*Hypocreales*)相对丰度增加, 具有致病性的赤霉属(*Gibberella*)的相对丰度降低, 而其他菌属相对丰度变化不大. 生物有机肥配合火土灰和磷肥施用降低了烟草发病率, 增加烟草的产量和中上等烟叶的比例. 总之, 在烟叶生产中, 推荐采用基施生物有机肥(675 kg/hm²)结合移栽期配施营养土(1 500 kg/hm²)的方法, 对提高烟田土壤真菌群落多样性、烟草土传病害控制、烟田生态系统的健康维护及其可持续发展均具有重要实践意义.

关键词: 烟田; 生物有机肥; 真菌群落结构

中图分类号: S572

文献标志码: A

文章编号: 1673-9868(2018)05-0038-08

重庆植烟土壤以丘陵山地为主, 山高坡陡, 耕地零星分散, 不利于现代烟草农业发展. 为建设高标准基本烟田, 我市烟草公司对山地零散烟田土壤进行了大面积的土地归并整理行动, 整理后的烟田土地利用效率明显提高, 综合效益明显增加. 但是中、重度土地整治烟田有益微生物比重下降, 土壤微生物群落平衡被打破, 微生物总量明显下降, 微生物群落结构发生了较大变化^[1], 土壤肥力下降, 最终致使种植出的烟叶品质和产量下降. 为了实现整理后烟田优质烟草可持续生产, 进行土壤理化性质的改良, 土壤微生物多样性的提高, 已成为完善健康平衡的土壤微生物群落结构的必要举措.

生物有机肥由于含有土壤有益菌, 土壤施用生物有机肥可改善植烟土壤的肥力状况, 使植烟土壤有机质质量分数增加, 碱解氮、速效磷、速效钾质量分数与烟株的生长发育趋于协调, 促进了烤烟干物质的积累^[2]. 已有研究证实, 生物有机肥的配施, 能够实现提高土壤微生物碳源利用能力、改良土壤微生物所需营养条件和完善土壤微生物多样性等的多重效应^[3].

在微生物种类繁多的烟草土壤中, 真菌是重要的组成部分, 土壤中既存在引起土传病害的病原真菌, 同时也存在着大量的具有拮抗或重寄生作用的有益真菌种类. 真菌在土壤生态系统中发挥着重要功能, 如

① 收稿日期: 2016-05-14

基金项目: 国家自然科学基金项目(31672238, 31372141); 中国烟草总公司重点项目(110201502015); 广西中烟工业有限责任公司项目(CG2016109022).

作者简介: 王彦琨(1995-), 男, 硕士, 主要从事植烟土壤肥力研究.

通信作者: 周鑫斌, 博士, 副教授.

降解木质素、纤维素、半纤维素和胶质,还原氮、溶解磷,螯合金属离子,产生青霉素等一些抗生素等.人们研究了有益拮抗真菌(如木霉菌),由于其具有广泛的适应性和可抑杀多种植物病原真菌^[4],在防治烟草立枯病、猝倒病、黑胫病(由真菌引起)和赤星病等方面有较为显著的功效^[5-6].菌根真菌可以与烟草共生促进烟草对土壤中氮磷钾等养分的吸收和增强植物对逆境的抵抗能力^[7-9].到目前为止,前人在对土壤真菌群落结构的影响的研究中,对真菌多样性的分析主要采用传统分离培养方法,但土壤中微生物的可培养率只有 0.1%到 1%^[10-11],不能充分反映土壤真菌群落结构^[12-14],极大地限制了我们对土壤微生态的认识.随着现代微生物技术的发展,我们能在短时间内获得更多更细致的微生物信息.那么施用生物有机肥后植烟土壤真菌群落结构会发生怎么样的变化,该方面的研究还鲜有报道.研究植烟土壤真菌群落结构多样性对于新整理烟田土壤微生态系统恢复及开展烟草土传病害防治具有重要的指导意义.

1 材料与方法

1.1 供试材料

本试验采用的微生物有机肥为 Bio 促生型生物有机肥,由江苏新天地生物肥料工程中心有限公司提供. Bio 促生型高效生物有机肥的有效菌数为 0.5×10^8 个/g,菌种主要含有解磷细菌、解钾细菌和固氮菌,其化学性质为有机质质量分数为 457.5 g/kg,氮、磷、钾质量分数分别为 38.2 g/kg(N),22.7 g/kg(P_2O_5),17.0 g/kg(K_2O).

供试烟田为黄壤,其农化性质如表 1 所示.就烟田而言,土壤肥力质量属于中等偏下.

表 1 供试土壤基本农化性质

pH 值	有机质/ ($g \cdot kg^{-1}$)	全 N/ ($g \cdot kg^{-1}$)	全 P/ ($g \cdot kg^{-1}$)	全 K/ ($g \cdot kg^{-1}$)	碱解 N/ ($mg \cdot kg^{-1}$)	速效 P/ ($mg \cdot kg^{-1}$)	速效 K/ ($mg \cdot kg^{-1}$)
5.78	19.07	1.04	0.79	12.63	83.1	18.72	110.2

1.3 试验设计

田间试验安排在彭水县润溪乡白果坪村进行,采用随机区组排列方式,试验设 4 个处理,每个处理小区面积为 40 m²,每个处理设 3 次重复.烤烟品种为云烟 87,种植行距为 110 cm,株距为 55 cm.烤烟生产过程和田间管理措施均按当地烤烟生产技术规范执行.试验各处理施总氮量均为 120 kg/hm²,各处理不足的氮用硝酸铵补充.烟田起垄前均匀基施复合肥(8-12-25)450 kg/hm²,再利用旋耕机浅翻烟田起垄.试验设计总体依据重庆市烟草公司大面积推行的烟田复合肥配方、用量和有机肥用量,当地农民也有穴施火土灰的习惯.为了改善烟田土壤微生态,使用生物有机肥替代商品有机肥.商品有机肥总养分磷(P_2O_5)钾(K_2O)质量分数分别为 2.1%,1.2%和 1.8%,有机质质量分数 35%;所施用的烧制火土灰,其碱解氮、速效磷和速效钾质量分数分别为 33.3,12.2 和 223.0 mg/kg;具体施肥方式如表 2,试验共分为 T,T1,T2 和 T3 共 4 组处理,其中 T 处理为基施商品有机肥,T1,T2 和 T3 处理施用生物有机肥,分两次施用(一次基施,一次移栽穴施).试验所需营养土在烟苗移栽前施入烟苗窝穴底部,每一株烟苗施用 60 g.试验各处理在等氮量基础上进行.

表 2 试验处理设计

试验设置	施 用 量/($kg \cdot hm^{-2}$)
T	商品有机肥 750 做基肥施用,移栽穴不施营养土
T1	生物有机肥 675 做基肥施用,营养土一 1 500(由火土灰 1410、生物有机肥 75 和复合肥 15 均匀混合而成)连同烟苗一起放入移栽穴
T2	生物有机肥 675 做基肥施用,营养土二 1 500(由火土灰 1372.5、生物有机肥 75、复合肥 15 和磷肥 37.5 均匀混合而成)连同烟苗一起放入移栽穴
T3	生物有机肥 600 做基肥施用,营养土三 1 500(由火土灰 1297.5、生物有机肥 150、复合肥 15 和磷肥 37.5 均匀混合而成)连同烟苗一起放入移栽穴

本试验中烟苗采用小苗井窑式移栽方式进行移栽. 移栽后, 施用 75 kg/hm^2 的氮钾复合肥(30-0-15)和 225 kg/hm^2 的硝酸钾对烟草幼苗进行提苗处理. 在连续 3 年(2012 年开始)采用本试验施肥方式之后, 于 2014 年对试验烟田的烟草产量、产值和品质(上中等烟比例)进行统计分析, 同时采集烟田土壤对各处理进行土壤微生物的真菌群落分析.

1.3 土壤样品采集

在烟田烟叶全部采收结束之后, 土壤样品采用 S 型采样法选取 10 个点进行采样, 选取垄上的相邻两烟株间的 0~20 cm 耕层土壤, 混合均匀后立即用四分法留取约 1 kg 土样, 放入 4°C 的低温保存箱中保存, 每个处理设 3 次重复. 将低温保存的土壤在实验室内, 经 2 mm 筛去除动植物残体等杂物后, 保存至零下 20°C , 用于土壤真菌群落结构的检测.

1.4 土壤真菌的 18SrRNA 基因测序

土壤总 DNA 提取: 采用土壤 DNA 提取试剂盒(Felix bio-tech, 美国)提取土壤样本的 DNA^[15], 具体步骤参考试剂盒说明书. 通过琼脂糖凝胶电泳检测提取 DNA 片段大小.

土壤 DNA 的 PCR 扩增: 采用 BIO-RAD 公司的 S1000TM Thermal Cycle 型 PCR 仪, 选用可扩增真菌 18S rRNA 部分片段通用引物 0817F(5'-TTAGCATGGAATAATRAATAGGA-3'), 1196R(5'-TCTG-GACCTGGTGAGTTTCC-3') 进行扩增, 进行纯化、定量和均一化真菌 18SrDNA, 利用变性凝胶电泳 PCR 产物及其长度^[16]. 采用上海美吉生物有限公司的 Mesiq 高通量测序技术进行真菌基因检测分析.

1.5 数据处理

数据结果采用 SPSS 19.0 进行方差分析, 并用 Duncan 检验法检验数据之间的差异显著性. 应用 Mothur 软件根据 97% 序列的相似度, 将序列归为多个操作分类单元 OTU(operational taxonomic unit) 并生成稀释曲线. 各计算公式^[17]如下:

1) 香农多样性指数(Shannon-wiener)计算:

$$H' = - \sum_{i=1}^s p_i \ln p_i$$

式中: S 为总物种数; p_i 为第 i 个物种占总物种数的比例^[15].

2) 稀释性曲线计算:

$$D = \frac{S-1}{\ln n}$$

式中: S 为 OTU 数目; n 为 reads 总数.

3) 丰富程度等级曲线(Rank-Abundance)曲线计算:

$$RA_{ij} = \log_2 \left(\frac{A_{ij}}{\sum_{j=1}^{T_i} A_{ij}} \right)$$

式中: A_{ij} 为原始第 i 个样本第 j 个 OTU 的丰度; T_i 为 i 样本的 OTU 总数; RA_{ij} 为处理后第 i 个样本第 j 个 OTU 丰度.

2 结果分析

2.1 施用生物有机肥对烟田土壤真菌群落结构的影响

2.1.1 烟田土壤样本真菌多样性测序结果

根据各样本生产的 OTU, 对样本序列进行随机取样, 以取出的序列数及这些序列所能代表的 OTU 数构建稀释曲线. 从图 1 中可以看出, 当测序数据量大于 10 000 时, 曲线渐趋于平缓, 这表明当前的测序量足够丰富, 即当前的测序量可以比较真实地反应土壤样本的真菌群落多样性.

图 2 样品 OUT 分布 Venn 图高通量测序结果显示, 4 个土壤样本共获得 253 个 OTU 的 72 158 条读数.

由图 2 可以看出, 样本 T, T1, T2, T3 测序获得的真菌 OTU 数总量分别为 123, 138, 155, 130, OTU 系列总数增加 12.2%~7.9%, OTU 数总量 $T_2 > T_1 > T_3 > T$. 样本 T, T1, T2, T3 测序获得的真菌 OTU 数目分别为 37, 19, 23, 25, 只有 14%~30% 的 OTU 为各土壤样本所特有的.

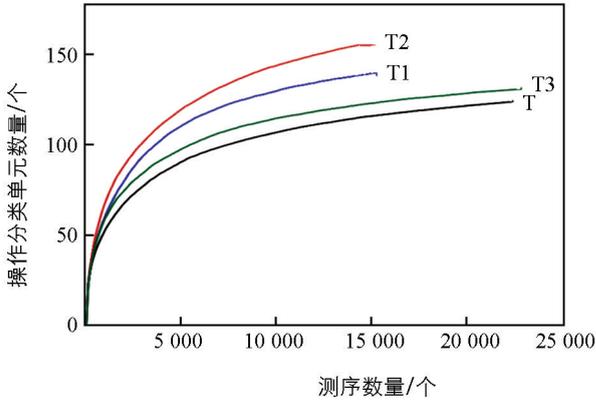


图 1 各土壤样本的稀释性曲线

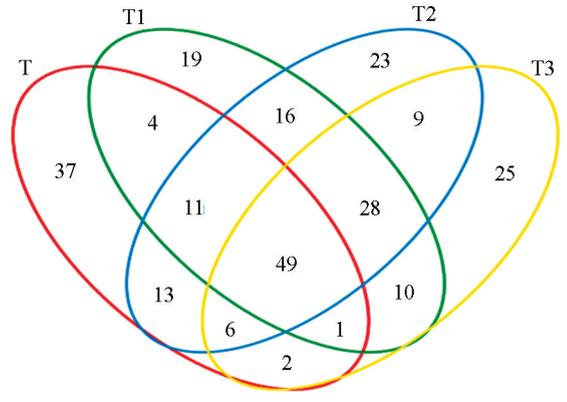


图 2 样品 OUT 分布 Venn 图

2.1.2 生物有机肥对烟田土壤真菌门的影响

由图 3 可知,不同处理的土壤样本的真菌由子囊菌门(*Ascomycota*)、担子菌门(*Basidiomycota*)、接合菌门(*Zygomycota*)、壶菌门(*Chytridiomycota*)等 34 个菌门组成,其中子囊菌门占 83.41%~89.53%,担子菌门占 4.46%~9.28%,接合菌门占 0.38%~2.50%,壶菌门 0.31%~3.79%,这 4 个菌门是优势菌门.与传统施肥处理相比,其他施肥处理增加了担子菌门、壶菌门的相对丰度,降低了子囊菌门、接合菌门的相对丰度.处理 T, T1, T2, T3 各样本含有土壤真菌菌门数分别为 15, 28, 28, 28. 其中 T1, T2, T3 处理的土壤真菌菌门数相等,所含菌门数较处理 T 多 13 个.

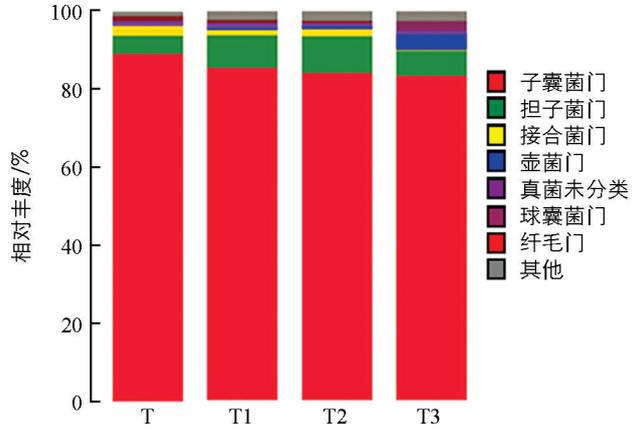


图 3 土壤真菌菌门相似度图

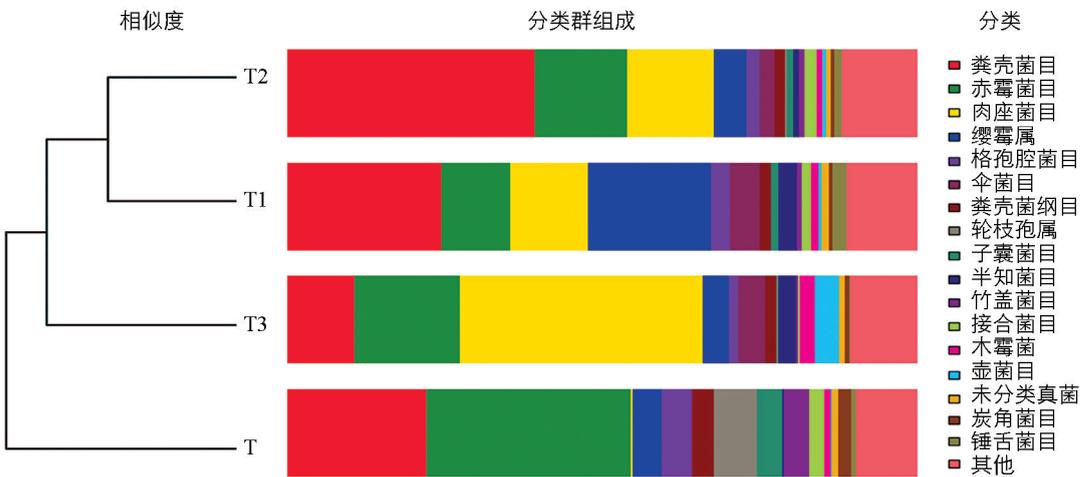


图 4 土壤真菌菌属相似度

2.1.3 生物有机肥对烟田土壤真菌属的影响

土壤样本共有 104 个真菌菌属,其中 71%(74 个)的为未知菌属. T, T1, T2, T3 各土壤样本含有土壤真菌菌属数分别为 61, 73, 81, 72 个. 施用生物有机肥处理的土壤中真菌菌门数分别增加 19.7%, 32.8% 和 18.0%.

将 4 个处理所含 OTU 序列数总和小于 1% 的菌属归为一类(其他, 87 属), 做土壤真菌菌属相似度图(图 4). 由图 4 可知, T1, T2, T3 处理土壤样本真菌相似关系较近, T1, T2 处理间尤为相近, T 处理与其他各处理间土壤样本真菌相似关系差异较大; 施用生物有机肥与传统施肥相比, 土壤真菌菌属相对丰度更加

均匀, 条带分布较为均匀, 尤其增施磷肥处理的菌属条带分布均匀程度更佳。

2.1.4 土壤真菌群落丰富度与均匀度分析

丰富程度等级曲线是由各土壤样本的 OTU 丰度和排序构建的, 反映样本的真菌物种丰富程度和均匀程度. 如图 5 所示, 各曲线在横坐标上的宽度满足 $T2 > T1 > T3 > T$ 的关系; 各曲线的平坦程度满足 $T2 > T1 > T > T3$ 的关系, 即不同施肥处理的土壤样本真菌物种丰富程度为 $T2 > T1 > T3 > T$, 真菌物种的组成均匀程度为 $T2 > T1 > T > T3$. 这说明生物有机肥的使用可以增加真菌物种的丰富度。

2.1.5 烟田土壤真菌群落多样性分析

引用香农—威纳多样性指数(Shannon-wiener)反映群落物种及其个体数和分布均匀程度的综合指标, 受群落物种丰富度影响较大. 真菌多样性指数曲线如图 6, 图中 4 组施肥处理所得的香农多样性指数曲线趋于平坦时, 说明实验测序数据量已能够反映样品中绝大多数真菌物种信息. 香农多样性指数显示, 新整理黄壤烟田各施肥处理土壤真菌群落多样性满足 $T2 > T1 > T > T3$, $T3$ 处理的香农多样性指数最低。

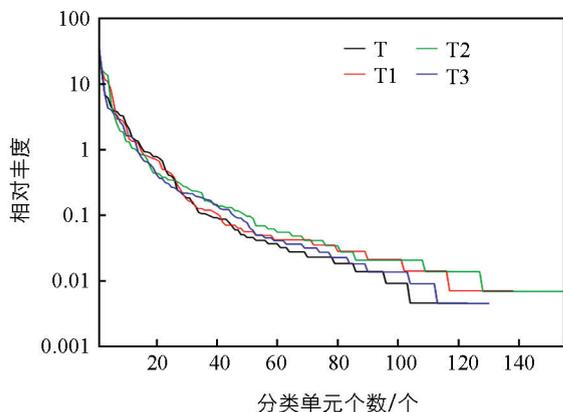


图 5 各土壤样本 Rank-Abundance 曲线

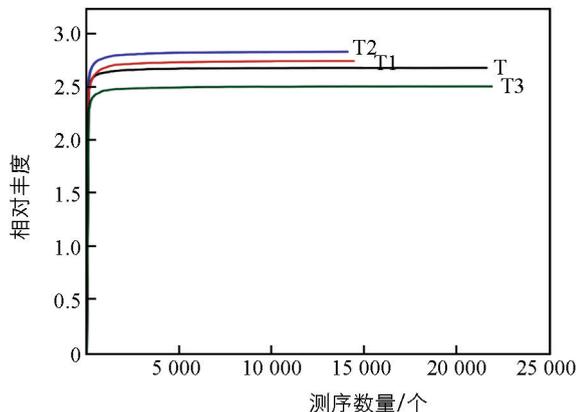


图 6 各土壤样本香农多样性指数曲线

2.1.6 生物有机肥对土壤真菌主成分分析

采用主成分分析方法, 提取到 2 个主成分, 第一主成分(PC1)和第二主成分(PC2)分别可以解释所有变量的 65.26%和 30.05%, 2 个主成分累加方差贡献率达到 95.31%, 从而以 2 个主成分表征真菌群落特征. 从图 7 可以看出, T, T3 样本间的土壤真菌群落组成相似, T1, T2 样本间的土壤真菌群落组成相似, T, T3 与 T1, T2 样本间菌落组成出现差异. 由于 PC1 和 PC2 的贡献率分别为 65.26%, 30.05%. 因此, 生物有机肥是影响黄壤烟田土壤真菌群落组成的主要因素。

2.2 不同施肥处理对烟草发病率的影响

由图 8 可知, 4 种不同的施肥处理(T, T1, T2, T3)的烟草发病率依次为 15.6%, 9.6%, 7.5%, 5.6%, 呈现出 $T > T1 > T2 > T3$ 的趋势. 其中以施肥处理 T3 抑制烟草病害效果最佳, 其发病率较 T 处理降低了 10%, T2 和 T3 差异无统计学意义。

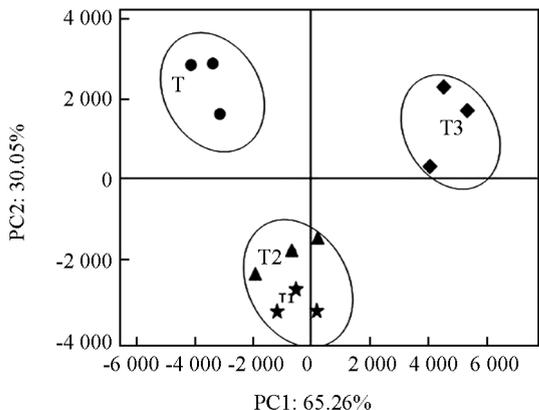


图 7 土壤真菌群落主成分分析

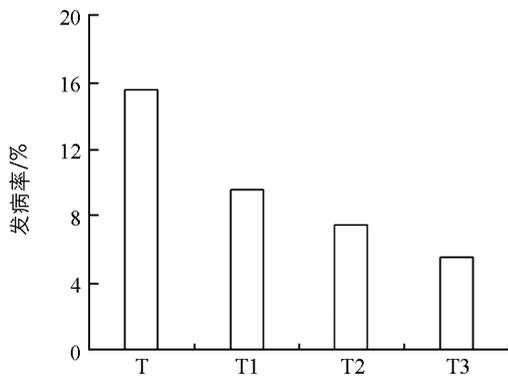


图 8 不同施肥处理对烟草发病率的影响

2.3 生物有机肥对烟叶经济指标的影响

由表 2 可知,施肥处理对烟草的产量、产值、中上等烟比例的增加效果一致为 $T_2 > T_3 > T_1 > T$,这与施肥对真菌群落结构的影响相似.其中 T_1 和 T_3 与 T, T_2 的产量差异有统计学意义, T_3 处理的产量最高, T 处理的产量最低. T 与 T_1 处理的产值之间差异无统计学意义,但 T 与 T_2, T_3 处理间的产值差异有统计学意义. T_2, T_3 处理间的中上等烟的比例差异无统计学意义,处理 T 和 T_1 与处理 T_2, T_3 之间中上等烟的比例差异有统计学意义.

表 2 不同施肥处理对烤烟经济指标的影响

处理	产量/(kg·hm ⁻²)	产值/(元·hm ⁻²)	上中等烟比例/%
T	1 985.94 c	42 156.13 b	85.52 c
T ₁	2 021.06 b	44 263.71 ab	88.75 b
T ₂	2 362.60 a	47 452.56 a	96.75 a
T ₃	2 461.34 b	45 733.52 a	92.42 a

注: * 同列数据后带有不同小写字母者表示 5% 水平差异有统计学意义.

3 讨论

土壤真菌在有机质分解和土壤养分循环过程中有着重要作用^[18].真菌群落结构的改变会影响很多重要的生态过程^[19].本研究采用 Mesiq 高通量测序技术,揭示了不同施肥处理条件下土壤真菌从门到属的组成和多样性特征.本文的测序技术能准确地反映样本中的真菌数及组成情况.不同施肥处理的菌门菌属的相似度图存在差异,说明不同的施肥处理改变土壤真菌群落结构.其中,施用生物有机肥后,土壤真菌多样性明显增加,群落结构发生明显变化.同时,烟草发病率显著降低,烟草产质量显著提高.由此推测,生物有机肥施用可增加真菌多样性,使土壤真菌群落结构向利于优质烟草生长的方向演变.有研究认为这是因为:
① 生物有机肥的施用为微生物的生长繁殖提供碳源和氮源及良好的生存环境,进而提高了真菌多样性^[20].
② 生物有机肥携带入土壤的大量真菌改变真菌群落结构^[21].另外,本研究表明,18rS DNA 读数和真菌 OUTS 以处理 T_2 最高, T 最低,处理 T_2 土壤中的真菌数目最多.

本试验中子囊菌门真菌占真菌的绝大多数,占比为 83.41%~89.53%.经过 3 年田间定位试验,施用生物有机肥的处理与未施用生物有机肥的优势菌株数量差异明显.说明施用生物有机肥极大地改变了土壤中真菌的组成和类型.土壤真菌包括病原真菌和有益真菌^[22],病原真菌可使植物感染病害.例如半知菌可使烟草得赤星病,子囊菌亚门白粉菌属的真菌可使烟草得白粉病^[23];而有益真菌能够拮抗病原菌、分解有机物质、活化土壤养分和促进土壤碳氮循环^[24].例如,木霉菌可抑杀多种植物病原真菌^[25],青霉菌能分解多纤维素、半纤维素、果胶、木质素、淀粉等^[26].本研究中发现,生物有机肥的施用明显降低了赤霉属、子囊菌门粪壳菌目真菌数量,增加了子囊菌门肉座菌目真菌数量.据崔云凤等^[27]报道,赤霉属真菌大多是农业生产上具有破坏性的植物病原真菌,会引发小麦赤霉病、玉米穗腐病、水稻恶苗病、马铃薯块茎干腐病和松树溃疡病等.而粪壳菌目、肉座菌目通常是植物的内生真菌,能够与植物产生协同作用,增强植物抗病虫能力^[28].由此可推测,施用生物有机肥可以降低土壤致病性真菌的数量,增加有益真菌的数量.因此,从增加土壤微生物多样性,恢复土壤微生态,防治烟草病害的角度来看,施用生物有机肥是有明显效果的,其中又以生物有机肥配合火土灰、磷肥施用效果最好.

4 结论

1) 适宜的施肥方式可以改善烟田土壤性质,提高土壤微生态系统的稳定性.本研究中,新整理黄壤烟田连续 3 年施用生物有机肥后,优势菌群中有益的子囊菌门粪壳菌目和肉座菌目相对丰度增加,具有致病性的赤霉属的相对丰度降低,而其他菌属相对丰度变化不大.

2) 新整理黄壤烟田连续3年施用生物有机肥后,土壤真菌群落多样性增加,增强了土壤养分活性,拮抗土传病原微生物,降低了烟草发病率,同时烟叶总产量、产值、中上等烟比例等比传统施肥方式下的均显著提高。因此,为提高烟农经济效益和烟草烟叶质量,黄壤地区烟田推荐采用基施生物有机肥配合移栽穴施营养土的施肥方式。

参考文献:

- [1] 蒲元瀛,张光辉,全景川,等.恩施州基本烟田土地整理建设模式研究与实践[J].中国烟草科学,2012,33(6):1-6.
- [2] 张金妹,田世尧,李扇妹,等.生物有机肥对土壤理化、生物性状和香蕉生长的影响[J].中国农学通报,2012,28(25):265-271.
- [3] 胡可,李华兴,卢维盛,等.生物有机肥对土壤微生物活性的影响[J].中国生态农业学报,2010,18(2):303-306.
- [4] 刘国顺,彭华伟.生物有机肥对植烟土壤肥力及烤烟干物质积累的影响[J].河南农业科学,2005,34(1):46-49.
- [5] 杨合同,唐文华,RYDER M.木霉菌与植物病害的生物防治[J].山东科学,1999,12(4):7-15,20.
- [6] 王革,周晓罡,方敦煌,等.木霉拮抗烟草赤星病菌菌株的筛选及其生防机制[J].云南农业大学学报,2000,15(3):216-218.
- [7] 张建国,聂俊华,杜振宇.施用复合生物有机肥对烤烟产量和品质的效应[J].湖南农业大学学报(自然科学版),2004,30(2):115-119.
- [8] 李姣,刘国顺,高琴,等.不同生物有机肥与烟草专用复合肥配施对烤烟根际土壤微生物及土壤酶活性的影响[J].河南农业大学学报,2014,47(2):132-137.
- [9] 匡传富,李宏光,许清孝,等.施用火土灰改良烤烟根际环境技术研究[J].农业开发与装备,2013(9):52-53.
- [10] PACE N R. A Molecular View of Microbial Diversity and the Biosphere [J]. Science, 1997, 276(5313): 734-740.
- [11] TORSVIK V, GOKSOYR J, DAAE F L. High Diversity in DNA of Soil Bacteria [J]. Appl. Environ. Microb., 1990, 56(3): 782-787.
- [12] 黄兴成,颜家均,刘洪斌,等.低山丘陵区农田土壤有机质预测性制图[J].西南师范大学学报(自然科学版),2013,38(5):142-149.
- [13] 何熙,张玉涛,李佳佳,等.秸秆-膨润土-PAM改良材料对不同类型土壤田间持水能力的影响[J].西南大学学报(自然科学版),2013,34(11):76-80.
- [14] 杨云高,王树林,刘国,等.生物有机肥对烤烟产质量及土壤改良的影响[J].中国烟草科学,2012,33(4):70-74.
- [15] 肖焯,易图永,魏林,等.木霉菌对几种植物病原菌的拮抗作用[J].湖南农业大学学报(自然科学版),2007,33(1):72-75.
- [16] 陈丹梅,段玉琪,杨宇虹,等.轮作模式对植烟土壤酶活性及真菌群落的影响[J].生态学报,2016,36(8):2373-2381.
- [17] 陈一峰,高亚楠,朱杰,等.新疆棉花长期连作对土壤真菌群落结构组成的影响[J].中国生态农业学报,2015,23(1):80-86.
- [18] BRODIE E, EDWARD S, CLIPSON N. Soil Fungal Community Structure in a Temperate Upland Grassland Soil [J]. FEMS Microbiol Ecol, 2003, 45(2): 105-114.
- [19] QIN S J, JIAO K B, HE J L, et al. Forge Crops Alter Soil Bacterial and Fungal Communities in an Apple Orchard [J]. Soil and Plant Science, 2015, 66(3): 229-236.
- [20] 孙薇,钱勋,付青霞,等.生物有机肥对秦巴山区核桃园土壤微生物群落和酶活性的影响[J].植物营养与肥料学报,2013,19(5):1224-1233.
- [21] 丁文娟,曹群,赵兰凤,等.生物有机肥施用期对香蕉枯萎病及土壤微生物的影响[J].农业环境科学学报,2014,33(8):1575-1582.
- [22] 王芳,图力古尔.土壤真菌多样性研究进展[J].菌物研究,2014,12(3):178-186.
- [23] 王海蓉.烟草真菌性病害的综合防治[J].四川农业科技,2009(3):52-53.
- [24] 于淑玲.土壤真菌在生态系统中物质分解作用的研究进展[J].邢台学院学报,2016,21(4):126-128.
- [25] 徐秉良,郁继华.深绿木霉菌株 T2 对草坪草叶枯病菌的拮抗作用及机制[J].草业学报,2006,15(4):71-75.

- [26] 姜海燕, 闫伟, 李晓彤, 等. 兴安落叶松林土壤真菌的群落结构及物种多样性 [J]. 西北林学院学报, 2010, 25(2): 100—103.
- [27] 崔云凤, 黄云, 蒋伶俐. 农业生产上几种重要的赤霉属真菌研究进展 [J]. 中国农学通报, 2007, 23(7): 441—446.
- [28] 朱国胜, 桂阳, 黄永会, 等. 中国种子植物内生真菌资源及菌植协同进化 [J]. 菌物研究, 2005, 3(2): 6—13.

Effects of Biological Organic Fertilizers on the Structure of Fungal Communities in Yellow-Soil Tobacco Fields and on Tobacco Yield and Quality

WANG Yan-kun¹, WEI Jian-yu², JIN Ya-bo², MIAO Chuang-he¹,
XU Chen³, ZHOU Xin-bin¹, XIE De-ti¹

1. School of Resources and Environment, Southwest University, Chongqing 400715, China;

2. China Tobacco Guangxi Industry Corporation Limited, Nanning 530001, China;

3. Chongqing Institute of Tobacco Science, Chongqing 400715, China

Abstract: In a stationary field experiment the effects of biological organic fertilizers on the structure of fungal communities in yellow-soil tobacco field and on tobacco yield and quality were investigated. The results indicated that application of biological organic fertilizers for three consecutive years improved the structure and diversity of the fungal communities in yellow-soil tobacco field. Compared with the traditional approach, application of biological organic fertilizers increased the relative abundance of the beneficial orders Sordariales and Hypocreales from the class Sordariomycetes among the dominant fungal communities in the soil and decreased the relative abundance of the pathogenic genus *Gibberella*, while the relative abundance of other fungal genera did not change significantly. Application of biological organic fertilizers in combination with ash and phosphate fertilizer decreased the disease incidence in tobacco plants, increased tobacco yield, and raised the percentage of intermediate and superior tobacco. Basal application of biological organic fertilizers at 675 kg/hm² combined with drill-hole application of nutritional soil, composed of well mixed ash 1 372.5 kg, biological organic fertilizers 75 kg and phosphate fertilizer 37.5 kg, at 1 500 kg/hm² is recommended for yellow-soil tobacco fields. This method has practical significance in improving the diversity of soil fungal communities in tobacco fields, controlling soil-borne diseases of tobacco, maintaining the health of the ecosystem in tobacco fields, and ensuring its sustainable development. Hence, this method should be widely promoted and applied.

Key words: tobacco field; bio-organic fertilizer; fungal community structure

责任编辑 包 颖

