

DOI:10.13718/j.cnki.zwyx.2022.06.004

土壤改良措施对连作生姜土壤微生物群落及枯萎病防效的影响

缪才凌^{1,2}, 朱书兴^{1,2}, 范天宇^{1,2}, 黄科², 杜孝田³

1. 重庆三峡学院 生物与食品工程学院, 重庆 万州 404100;
2. 重庆文理学院 园林与生命科学学院, 重庆 永川 402160;
3. 重庆文理学院 乡村振兴学院, 重庆 永川 402160

摘 要: 生姜枯萎病是重要的土传病害. 为探索连作生姜枯萎病的防治技术, 本研究以连作生姜土壤为研究对象, 在连作土壤中添加油饼或碳酸氢铵进行土壤改良, 然后将土壤样品进行土壤理化性质测定、微生物群落分析, 并于翌年在处理土壤区域调查生姜枯萎病的发病情况和生姜产量. 结果表明, 与空白对照和碳酸氢铵处理相比, 土壤中添加油饼处理后, 每千克土壤中有机质从 11.9 g 升高到 12.8 g, 有效磷的含量从 85.9 g 升高至 90.6 g, pH 值从 4.3 升高到 4.6, 微生物群落多样性增加, 细菌群落组成与有机质和 pH 值成正相关, 真菌群落组成与 pH 值成正相关; 翌年油饼处理后土壤的生姜枯萎病发病严重度降低至 14.8, 产量升高至 35 100 kg/hm². 研究结果提示, 使用有机质改良土壤能缓解连作生姜枯萎病.

关 键 词: 生姜; 强还原处理技术; 连作;
微生物群落; 枯萎病

中图分类号: S156.2

文献标志码: A

开放科学(资源服务)标识码(OSID):



文章编号: 2097-1354(2022)06-0032-10

The Effects of Soil Improvement Treatments on the Microbiota and Prevention of Fusarium Wilt in Successive Cropping Ginger

MIAO Cailing^{1,2}, ZHU Shuxing^{1,2}, FAN Tianyu^{1,2},
HUANG Ke², DU Xiaotian³

收稿日期: 2022-09-08

基金项目: 重庆市教委科学技术研究计划项目(KJZDM202201301); 重庆市人力资源和社会保障局项目: 基于“鲁中大姜”新品种应用的乡村振兴实用人才培训(2021-388-4).

作者简介: 缪才凌, 硕士研究生, 主要从事农艺与种业研究.

通信作者: 黄科, 副教授, 博士.

1. College of Biology and Food Engineering, Chongqing Three Gorges University, Wanzhou Chongqing 404100, China;
2. College of Landscape Architecture and Life Science / Institute of Special Plants, Chongqing University of Arts & Sciences, Yongchuan Chongqing 402160, China;
3. Rural Revitalization College, Chongqing University of Arts & Sciences, Yongchuan Chongqing 402160, China

Abstract: Fusarium wilt of ginger is an important soil-borne disease. In order to explore the protection technology for control of Fusarium wilt in successive cropping ginger, oil cake or ammonium bicarbonate was applied to the soil of successive cropping ginger field. The physical and chemical properties and microbial communities of soil samples were tested. The disease severity and yield were investigated in next year. The treatment increased the soil organic matter from 11.9 g/kg to 12.8 g/kg, Olsen-P from 85.9 g/kg to 90.6 g/kg, pH value from 4.3 to 4.6. Meanwhile, it also increased the abundance of microbiota. Bacterial community composition was positively correlated with organic matter and pH value, while the composition of fungal community was positively correlated with pH of oil cake treated soil. The Fusarium wilt disease index decreased to 14.8 and the yield of ginger increased to 35, 100 kg/hm². This study suggested that application of organic matter to improve soil could alleviate the Fusarium wilt in successive cropping ginger.

Key words: ginger; reductive soil disinfestation; successive cropping; microbial communities; fusarium wilt

生姜(*Zingiber officinale*)是姜科、姜属植物^[1],因其食用、药用价值高成为我国重要的经济作物之一^[2-3].尖孢镰刀菌(*Fusarium oxysporum*)是常见的土传病原菌,可引起重要经济作物枯萎与根腐,也是生姜枯萎病的致病菌^[4].土壤中接种尖孢镰刀菌的数量与生姜枯萎病发病率和病情指数成正相关^[5],仔姜连作会加剧生姜枯萎病的危害,导致减产,甚至毁田^[4-6],土壤微生物群落多样性下降是生姜连作障碍的主要因素之一^[7-8].土壤强还原处理技术是使用“有机物+淹水+覆膜”的方法处理土壤,具有杀灭土传病原菌,改善土壤结构,重建土壤微生物结构的多重效应,以达到有效缓解作物连作障碍的目的^[9-10].它的作用原理是在强还原处理过程中,通过产生硫化氢、氨气、低价位金属离子、有机酸等杀菌物质,来消灭土壤中的病原菌^[11].添加的有机物料能提高土壤的有机质含量和改善土壤的理化性质,为作物创造良好的生长环境^[12-13].

本研究选择重庆市荣昌区连作生姜土壤作为试验地点,姜农分别在仔姜采后土壤中添加碳酸氢铵并覆盖地膜或添加有机质(油饼)进行土壤强还原处理,研究两者对连作生姜土壤理化性质和微生物群落结构的影响,并调查翌年生姜发育过程中枯萎病的发病率、病情指数与产量,以探索生姜枯萎病的防治技术,为生姜枯萎病的防治与克服连作障碍提供理论依据.

1 材料与方法

1.1 试验地点

试验地点位于重庆市荣昌区盘龙镇拱桥村 1 组,该地是重庆市仔姜的传统栽培区域,由于连作等因素,导致生姜枯萎病发病严重;试验生姜品种为四川、重庆栽培传统栽培的竹根姜群体品种选育品种“渝姜 1 号”.

1.2 土壤处理

待前茬仔姜采收后,选取同一农户同一耕作区域采取同样耕作、肥水、农药管理的土壤,划分为 3 个试验区.试验区 1 连作土壤作为空白对照(Control Check, CK1);试验区 2 每

667 m²使用 15 kg 碳酸氢铵(Ammonium Bicarbonate, NT); 试验区 3 为每 667 m²使用 50 kg 油饼(Organic Matter, OT), 试验区 1、试验区 2 和试验区 3 面积均为 333.5 m². 分别在试验区 2 和试验区 3 施加 7.5 kg 碳酸氢铵和 25 kg 油枯, 使用微耕机将碳酸氢铵与油饼均匀的旋入土壤中, 在处理的土壤中浇水以保证土壤相对湿度约为 70%, 土壤相对湿度使用土壤酸度湿度测试仪(PHT-102A 长款)测定, 最后在处理好的土壤中覆盖使用聚乙烯塑料薄膜(0.02 mm)覆盖, 并用土块将薄膜压实、密闭. 处理时间为 2021 年 8 月 20 日至 2021 年 11 月 9 日, 一共 50 d. 在 2021 年 8 月 20 日采用 5 点法对未处理土壤进行土壤样品的采集, 此时的土壤样品记作 CK1 组; 2021 年 11 月 9 日采用 5 点法对 NT 组、OT 组进行土壤样品的采集, 未处理田块样品标记为 CK2 组. 将采集的土壤带回实验室进行 pH 值、碱解氮、有效磷、速效钾、有机质含量的测定和微生物群落分析.

1.3 土壤理化性质的测定

将 CK1 组、CK2 组、NT 组、OT 组采集到的土壤样品各自分成 2 份, 一份放在阴凉处自然风干, 然后过 2 mm 筛放入广口瓶中备用, 另一份迅速保存在 -80 °C 超低温冰箱中, 用于后续微生物群落分析. 土壤进行 pH 值、有机质、碱解氮、有效磷、速效钾的测定参照鲍士旦《土壤农化分析》的方法执行^[14].

1.4 根际土壤微生物群落分析

使用 CTAB 法提取土壤 DNA, 利用琼脂糖凝胶电泳仪检测 DNA 的纯度和浓度. 将提取好的基因组用 ITS1F(5'-TCCG TAGG TGAA CCTG CGG-3')和 ITS4R(5'-TCCT CCGC TTAT TGAT ATGC-3')对 ITS (Internally Transcribed Spacer)进行 PCR 扩增; 用 338F(5'-ACTC CTAC GGGA GGCA GCAG-3')和 806R(5'-GGAC TACH VGGG TWTC TAAT)对 16s RNA 进行 RPC 扩增. 将 CK1 组、CK2 组、NT 组、OT 组扩增好的 PCR 产物用 2%的琼脂糖凝胶电泳仪纯化, 将纯化好样品送至上海美吉生物医药科技有限公司测序, 每个样品重复 4 次测序. 测序数据上传至 NCBI 数据库, 登录号为 PRJNA832697.

将测序好的数据在上海美吉生物医药科技有限公司提供的云平台(<https://login.majorbio.com/login>)进行土壤微生物多样性交互分析. 用软件 Qiime 对原始数据进行拼接和质控. 用 Uparse 算法把相似度大于 97% OTU 序列进行聚类, 样本 OTU 保留至少在 3 个样本中的序列数都大于等于 5 的物种, 且 OTU 序列数总和要大于 20; 所有样本按每个样本 47 628 个序列进行标准化随机重采样对应于序列最少的样本. 将构建好的 OTU 序列用 RDP classifire 进行物种注释. 对于细菌群落的分类使用 SILVA 数据库, 真菌群落的分类使用 UNITE 数据库. 用 Mthur 和 R 软件对分类注释好的物种进行 Alpha 多样性和 Bata 多样性分析, 用 Tax4fun 和 Funguild 对细菌和真菌进行功能预测.

1.5 生姜枯萎病调查与产量测定

2021 年 2 月 16 日, 参照《“昌州”牌仔姜无公害栽培技术》^[15]中的相关标准在 3 个试验区种植生姜. 2021 年 4 月 12 日在生姜幼苗出土后至 7 月 20 日采收前后, 分别在 4 月 24 日、5 月 24 日和 6 月 24 日 3 次对试验区域 1、试验区域 2 和试验区域 3 调查生姜枯萎病的发病率和病情指数, 每个区域每次调查分别选取上、中、下区域进行调查.

$$\text{发病率}(\%) = \frac{\text{调查区域生姜枯萎病总发病株数}}{\text{调查区域的生姜幼苗总株数}} \times 100\%$$

$$\text{病情指数} = \sum \frac{\text{各级病叶数} \times \text{该病级值}}{\text{调查总叶数} \times \text{最高病级值}} \times 100$$

根据生姜幼苗的发病情况, 将其进行等级划分, 共分为 5 个等级:

0 级为未患病;

- 1 级为病叶 0%~25%;
2 级为病叶 25%~50%;
3 级为病叶 50%~75%;
4 级为病叶 75%~100%.

于 2021 年 7 月 20 日测定其产量,分别在各试验组处理的区域随机选取 5 个样点,每点取 2 m² 区域内的植株测定产量,换算成为每 667 m² 的产量^[16].

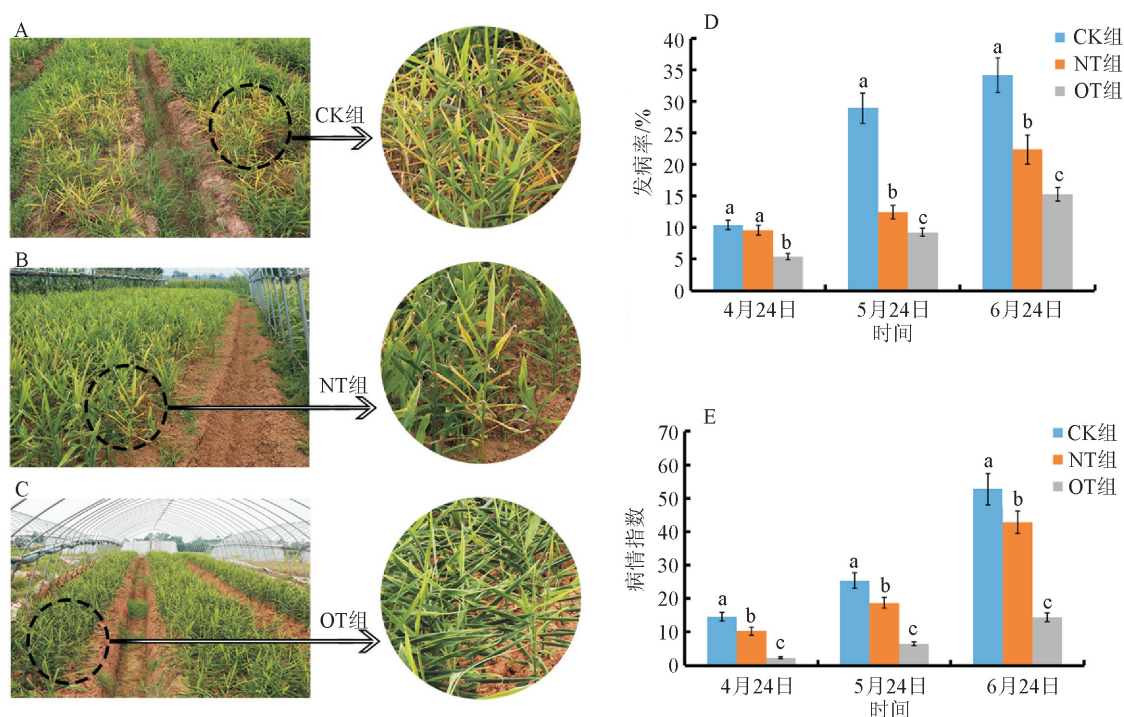
1.6 数据处理与统计学分析

利用 WPS Office 进行数据整理,使用 SPSS 17.0 软件计算每组数据的平均值和标准误差,并检验组间差异显著性.

2 结果与分析

2.1 土壤处理措施对生姜枯萎病严重度与产量的影响

调查结果显示,2021 年 4 月 24 日调查 CK 组、OT 组和 NT 组的生姜枯萎病发病率分别为 10.40%,9.60%和 5.52%,病情指数分别为 14.55,10.30 和 2.31. 2021 年 5 月 24 日调查 CK 组、OT 组和 NT 组的生姜枯萎病发病率分别为 28.98%,12.46%和 9.23%,病情指数分别为 25.33,18.70 和 6.48. 2021 年 6 月 24 日调查 CK 组、OT 组和 NT 组的生姜枯萎病发病率分别为 34.21%,22.40%和 15.30%,病情指数分别为 52.77,41.9 和 14.80. 由试验结果可知,CK 组与 NT 组发病率和病情指数随着生姜的发育均显著升高,OT 组生姜枯萎病发病率与病情指数在调查时期升高不明显(图 1). 2021 年 7 月 20 日测产,CK 组、NT 组和 OT 组仔姜平均产量分别为 24 480 kg/hm²,28 695 kg/hm²,35 100 kg/hm².



A 为连作生姜枯萎病发病症状; B 为碳酸氢铵处理连作生姜枯萎病发病症状; C 为有机物处理连作生姜枯萎病症状;
D, E 为不同土壤处理连作生姜枯萎病发病率与病情指数; 图中小写字母不同表示组间数据比较, 差异具有统计学意义 ($p < 0.05$).

图 1 不同土壤处理方法翌年生姜枯萎病发病情况

2.2 土壤处理措施对土壤理化性质的影响

由试验结果可知, CK2 空白对照组中的 pH 值、碱解氮相较于 CK1 空白对照组变化不明显, 两组比较差异无统计学意义; 而有机质、有效磷、速效钾下降明显, 与 CK1 空白对照组比较, 差异具有统计学意义. 经油饼处理后, OT 组每千克土壤有机质升高至 12.8 g/kg, 与空白对照组比较差异具有统计学意义; pH 值升高至 4.60, 与空白对照组比较差异无统计学意义; 碱解氮和速效钾的含量下降, 其中碱解氮下降至 65.00 g/kg, 速效钾从下降至 282.50 g/kg, 而有效磷含量升高至 90.60 g/kg, 与空白对照组比较差异具有统计学意义. OT 组与 NT 比较, OT 组碱解氮、有效磷和速效钾低于 NT 组, 而有机质与 pH 值高于 NT 组, 两组比较差异具有统计学意义(表 1). 以上结果表明, 油饼处理后, 可增加土壤中有机质含量和升高土壤 pH 值, 提高有效磷的含量.

表 1 不同土壤处理方法对土壤理化性质的影响

处理方法	有机质/g · kg ⁻¹	pH 值	碱解氮/g · kg ⁻¹	有效磷/g · kg ⁻¹	速效钾/g · kg ⁻¹
CK1 组	11.90 ± 0.06bc	4.30 ± 0.04b	71.50 ± 0.92b	85.90 ± 0.90c	310.00 ± 2.89ab
CK2 组	11.04 ± 0.06c	4.40 ± 0.07b	70.00 ± 0.78b	69.50 ± 0.76d	297.50 ± 7.64b
NT 组	11.80 ± 0.07bc	3.90 ± 0.02c	83.10 ± 2.17a	96.80 ± 2.77a	306.70 ± 2.87b
OT 组	12.80 ± 0.09a	4.60 ± 0.02b	65.00 ± 0.77c	90.60 ± 0.53b	282.50 ± 7.64c

注: 小写字母不同表示组间数据比较差异无统计学意义($p < 0.05$).

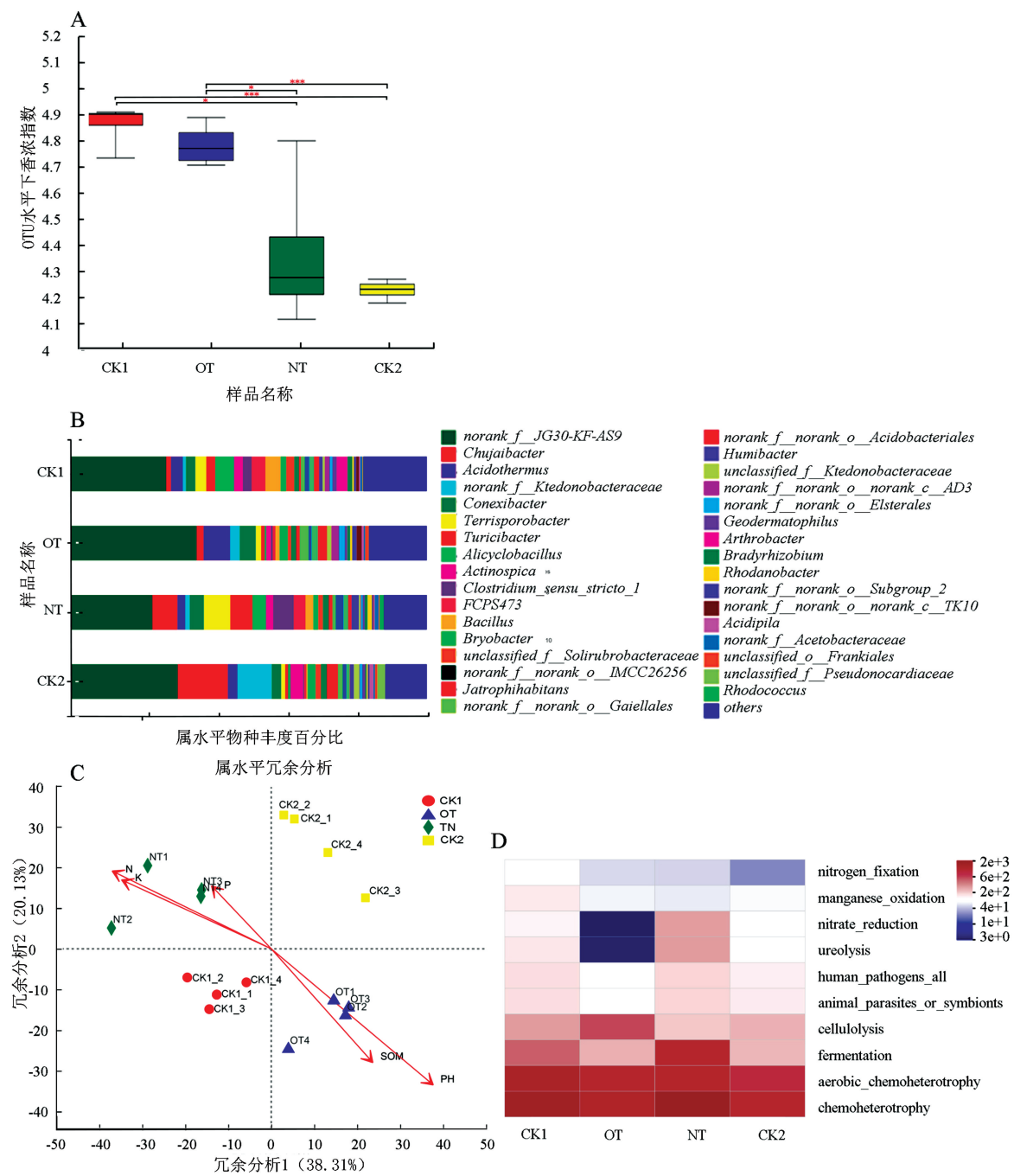
2.3 土壤处理措施对连作生姜土壤细菌群落结构与功能的影响

由试验结果可见, OT 组与 CK1 空白对照组细菌群落多样性比较, 差异无统计学意义; OT 组与 CK2 空白对照组、NT 组的细菌群落多样性比较, 差异具有统计学意义. NT 组与 CK1 空白对照组细菌群落多样性比较, 差异具有统计学意义; NT 组与 CK2 空白对照组细菌群落多样性比较, 差异无统计学意义(图 2A). 以上结果表明, 土壤中细菌群落的多样性随温度降低而显著降低, 碳酸氢铵处理(NT 组)后细菌群落的多样性显著降低, 结构也发生变化; 但土壤中添加有机质进行土壤强还原处理(OT 组), 即使在细菌群落多样性受温度影响降低极显著的情况下, 土壤中添加有机质也可显著增加土壤细菌群落的多样性(图 2A).

对相对丰度前 10 位的细菌属水平分析表明, 强还原处理可改变生姜连作土壤的细菌群落组成. 其中, 强还原处理土壤处理措施主要提高了未知属(*norank_JG30-KF-AS9*)(由 26.77% 升高至 35.35%)、热酸菌属(*Acidothermus*)(由 3.35% 升高至 7.47%)、康奈斯氏杆菌属(*Conexibacter*)(由 2.61% 升高至 4.46%)的丰度, 降低了特瑞斯波罗杆菌属(*Terrisporobacter*)(由 3.08% 降至 1.53%)、丛生放线菌属(*Actinospica*)(由 2.53% 降至 1.33%)、苏黎世杆菌属(*Turicibacter*)(由 2.56% 降至 1.02%)、狭窄梭菌属(*Clostridium sensu stricto*)(由 2.45% 降至 0.49%)的丰度(图 2B).

对细菌群落组成进行环境因子关联分析发现, 有机质、pH 值、有效磷、速效钾、碱解氮对细菌群落的组成影响较大. 经碳酸氢铵处理的 NT 组细菌群落组成与碱解氮、有效磷和速效钾成正相关, 与有机质和 pH 值成负相关. 加入油饼的强还原处理的 OT 组细菌群落组成与有机质和 pH 值成正相关, 与碱解氮、有效磷和速效钾成负相关. 未处理的土壤在不同采样时间点采集到的土壤(CK1 组和 CK2 组)细菌群落组成受有机质、pH 值、碱解氮、有效磷和速效钾影响较小(图 2C). 将富集的前 10 种细菌代谢功能进行分析, OT 组土壤细菌代谢功能与 CK1 组、

CK2 组和 NT 相比功能变化大,它的尿素水解和硝酸盐还原功能显著减弱,纤维素分解功能增强(图 2D). 结果表明,强还原处理改变了土壤细菌微生物群落组成,提高了纤维素分解菌群的丰度,促进了纤维素的分解.



A 为不同土壤处理后的微生物群落结构; B 为不同处理后土壤中环境因子对细菌群落组成的影响;
C 为不同土壤处理后细菌微生物群落结构; D 为不同土壤处理对细菌微生物群落结构的影响;
 $p \leq 0.05$ 标记为“*”, $p \leq 0.01$ 标记为“**”, $p \leq 0.001$ 标记为“***”.

图 2 连作土壤添加不同物质强还原处理后细菌微生物群落结构和功能变化

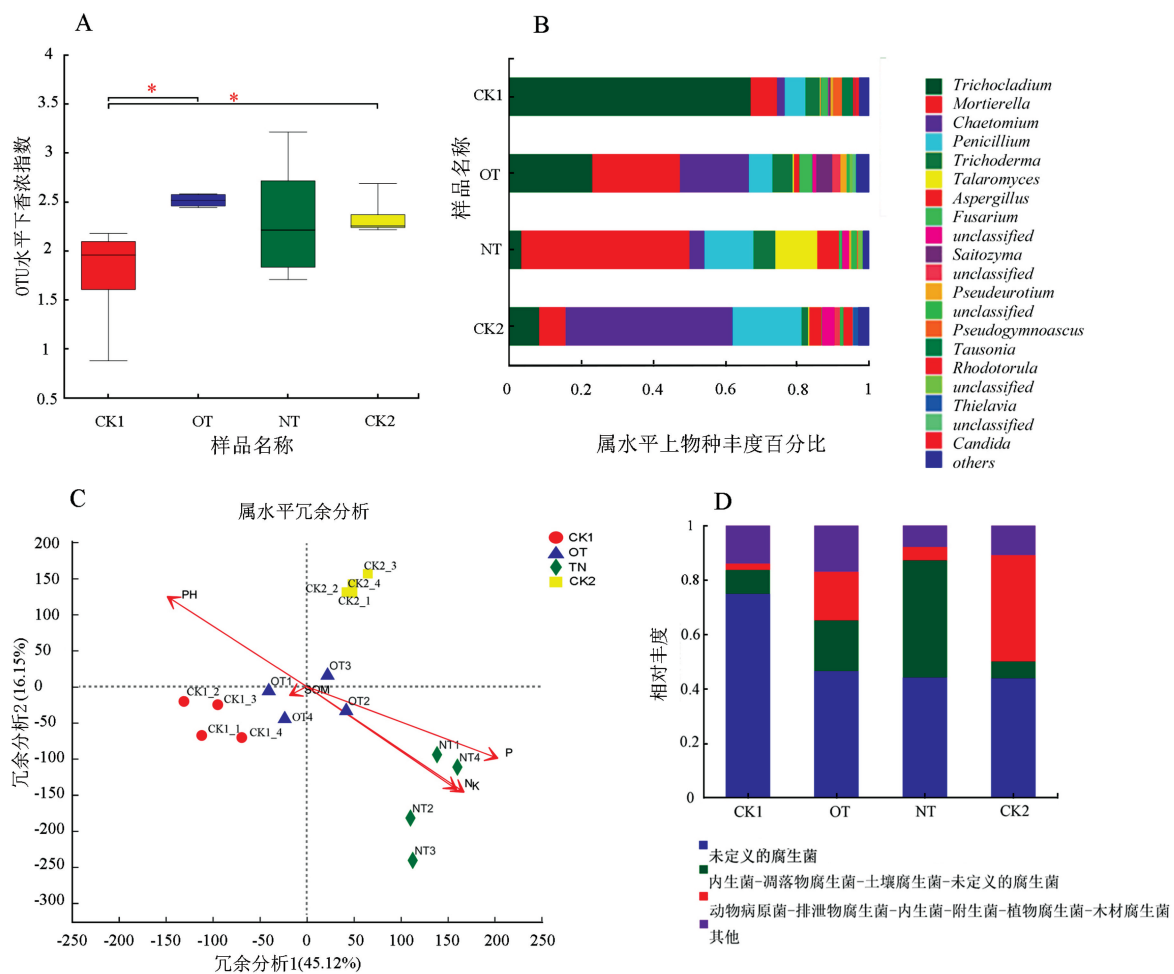
2.4 土壤处理措施对连作生姜土壤真菌群落结构与功能的影响

OT 组土壤中真菌群落的 Shannon 指数均高于 CK1 空白对照组和 CK2 空白对照组两次土壤采样, 差异具有统计学意义; 而 OT 组土壤中真菌群落的 Shannon 指数与 NT 组比较, 差异无统计学意义; CK1 空白对照组与 CK2 空白对照组采样土壤中真菌群落的 Shannon 指数比较,

差异无统计学意义(图 3A). 结果表明, 试验点土壤真菌群落多样性受温度影响较小, 土壤经改良措施后可增加土壤中真菌群落的多样性.

土壤经改良措施处理后可改变生姜连作土壤的真菌群落组成. OT 组与 CK1 空白对照组相比较, 显著提高了被孢霉属(*Mortierella*) (由 7.31% 上升至 24.33%)、毛壳菌属(*Chaetomium*) (由 2.17% 上升至 19.15%)、木霉属(*Trichoderma*) (由 3.95% 上升至 5.58%) 的丰度, 显著降低了短梗蠕孢属(*Trichocladium*) 的丰度 (由 67.08% 降至 23.10%). OT 组与 NT 组相比, 短梗蠕孢属(*Trichocladium*) 和毛壳菌属(*Chaetomium*) 丰度较高, 分别为 23.10% 和 19.15%; 而被孢霉属(*Mortierella*)、青霉属(*Penicillium*)、篮状菌属(*Talaromyces*) 和曲霉属(*Aspergillus*) 在 NT 组中的丰度较高. CK1 组与 CK2 组相比较, 短梗蠕孢属(*Trichocladium*) 丰度显著降低, 由 67.08% 降至 8.34%, 而毛壳菌属(*Chaetomium*) 丰度显著升高, 由 2.17% 升高至 46.39% (图 3B).

对真菌群落组成进行环境因子关联分析表明, pH 值、有效磷、速效钾、碱解氮对真菌群落的组成影响较大, 有机质对真菌群落的组成影响小. 碳酸氢氨处理后的 NT 组真菌群落组成与碱解氮、有效磷和速效钾成正相关, 与 pH 值成负相关. 加入油饼的强还原处理后的 OT 组和未处理的土壤在不同采样时间点 CK1 空白对照组、CK2 空白对照组真菌群落组成受有机质、pH 值、碱解氮、有效磷和速效钾影响小 (图 3C).



A 为不同处理土壤真菌微生物群落的多样性分析; B 为不同处理土壤中环境因子对真菌群落组成的影响;

C 为不同土壤处理对真菌微生物群落结构的影响; D 为不同土壤处理对真菌微生物群落功能的影响;

E 为不同土壤处理对真菌微生物群落病原菌的预测; $p \leq 0.05$ 标记为“*”, $p \leq 0.01$ 标记为“**”, $p \leq 0.001$ 标记为“***”.

图 3 连作土壤添加不同物质强还原处理后对真菌微生物群落结构和功能的影响

真菌的营养方式主要分为包括病理营养型(Pathotroph)、共生营养型(Symbiotroph)和腐生营养型(Saprotroph)3种。运用 FUNGuild 功能预测软件对真菌群落进行功能分析预测:各处理组丰度前3的功能类群是未定义的腐生菌(Undefined Saprotroph)、内生菌-凋落物腐生菌-土壤腐生菌-未定义的腐生菌(Endophyte-Litter Saprotroph-Soil Saprotroph-Undefined Saprotroph)和动物病原体-粪便腐生菌-内生菌-附生菌-植物腐生菌-木材腐生菌(Animal Pathogen-Dung Saprotroph-Endophyte-Epiphyte-Plant Saprotroph-Wood Saprotroph),结果表明随着温度的降低,土壤中功能为腐生菌的丰度降低,但通过油饼改良后土壤中含3种营养方式的真菌群落趋于相对平衡(图3D)。

3 结论与讨论

连作易导致土壤微生物多样性降低、微生态系统失衡、病害加重等问题,从而引发连作障碍^[17]。向连作生姜土壤中加入蚯蚓粪,可改善土壤养分,缓冲土壤 pH 值,提高土壤微生物的多样性,可修复连作生姜土壤^[18];向土壤中施入微生物菌肥可抑制土壤中病原菌,改善土壤微生物群落结构,克服连作障碍^[19]。目前缓解生姜的连作障碍研究较少,本研究通过土壤改良,比较碳酸氢铵、油饼处理土壤和未处理土壤的理化性质和微生物群落变化,结果表明,经碳酸氢铵处理后可显著增加土壤有机质的含量,缓冲土壤 pH 值,这与以前的研究结果一致^[18-20];同时极显著增加土壤中细菌、真菌微生物群落的多样,这与土壤强还原后可增加烟土的真菌群落一致^[21-22]。土壤中添加有机物油饼处理后,细菌属群落未知属(*norank_JG30-KF-AS9*)、热酸菌属(*Acidothermus*)、康奈斯氏杆菌属(*Conexibacter*)的丰度增加,而热酸菌属细菌具有较高纤维素分解能力,可增加土壤有机质含量增加,增高土壤肥力^[23]。同时,真菌群落的结构中的腐生群落增加,而致病微生物数量降低,这一与在土壤中添加甘蔗残渣,显著增加腐生真菌的研究结果一致^[24]。

被孢霉属(*Mortierella*)是从土壤中分离的丝状真菌之一,其主要功能是发酵生产食用油^[25-26];毛壳菌属(*Chaetomium*)也是栖生于土壤中的重要真菌,其主要作用是分泌细胞松弛素^[27];木霉属(*Trichoderma*)在工业、医学、农业中应用广泛,尤其作为生物杀真菌剂应用广泛^[28-29]。毛壳菌属和曲霉属能有效抑制尖孢镰刀菌的生长,控制其在土壤中的数量减少植物枯萎病发病率^[30-31]。沙蜥属(*Saitozyma*)能增加土壤中速效磷含量^[32]。速效磷不仅能促进植物根系生长发育^[33],还能增强土壤酸碱变化对植物影响的能力,及缓冲能力^[34]。研究表明,使用酒精与苜蓿土壤强还原处理后,土壤中益生菌 *Chaetomium* 的丰度显著升高^[35];土壤中添加新鲜鸡粪对土壤进行生物润湿后,也显著提高了土壤中益生菌 *Chaetomium* 的丰度^[36]。本研究结果也表明,土壤中使用油饼强还原处理后,显著提高了益生菌显著提高了被孢霉属(*Mortierella*)、毛壳菌属(*Chaetomium*)、木霉属(*Trichoderma*)、曲霉属(*Aspergillus*)、*Saitozyma*(沙蜥属)等真菌的丰度,以上益生菌促进了翌年生姜的产量。

此外,对细菌群落的功能预测表明,加入油饼土壤改良后,尿素水解和硝酸盐还原功能减弱,这与姜田加入油饼强还原处理后碱解氮显著下降相关联,可能是油饼施入后带入大量的碳源,微生物腐解油饼的过程中固定了一定氮素,导致土壤碱解氮含量减低^[37],也可能是强还原处理形成的厌氧高温环境有关,温度越高,碱解氮挥发得越快^[38]。虽然碱解氮明显降低,但是还是维持在生姜正常生长的范围内 23.71~69.95 g/kg^[39]。

本研究在前茬仔姜采收后添加有机质(油饼)或碳酸氢铵处理连作土壤,添加油饼处理显著增

加了土壤有机质含量和微生物群落的多样性,提高了土壤 pH 值,改善了土壤条件和功能.翌年,生姜田间发病严重度显著降低,仔姜产量显著升高,表明使用有机质改良土壤能缓解连作生姜枯萎病,为重庆市仔姜的连作生产提供了技术支持.

参考文献:

- [1] 王绍明. 特殊风味蔬菜及其特殊物质简介 [J]. 生物学通报, 1997, 32(3): 18-19.
- [2] BHATT N, WALY M I, ESSA M M, et al. Ginger: A functional herb [J]. Food as Medicine, 2013; 51-71.
- [3] 浩然, 楠枫. 跟着大厨逛菜场 菱透浮萍绿锦池 [J]. 食品与生活, 2021(8): 58-63.
- [4] 潘汝浩, 王继琛, 王磊, 等. 生姜枯萎病病原菌的分离鉴定及其接种浓度对生姜枯萎病发生程度的影响 [J]. 南京农业大学学报, 2014, 37(1): 94-100.
- [5] 蔡文涌, 方香玲. 植物病原尖孢镰刀菌致病因子研究进展 [J]. 分子植物育种, (2022-03-10)[2022-03-28]. <http://www.cnki.com.cn/Article/CJFDTotat-FZZW20220308001.htm>.
- [6] XIN A, LI X, JIN H, et al. The Accumulation of Reactive Oxygen Species in Root Tips Caused by Autotoxic Allelochemicals - A significant Factor for Replant Problem of Angelica Sinensis (Oliv.) Diels [J]. Industrial Crops and Products, 2019, 138: 111432.
- [7] 韩春梅, 李春龙, 叶少平, 等. 生姜化感作用研究 [C]. 中国第六届植物化感作用学术研讨会论文摘要集. 2013: 16.
- [8] 陈政. 连作生姜根际土壤微生物群落结构分析 [D]. 泰安: 山东农业大学, 2013.
- [9] SIEGEL-HERTZ K, EDEL-HERMANN V, CHAPELLE E, et al. Comparative Microbiome Analysis of a Fusarium Wilt Suppressive Soil and a Fusarium Wilt Conducive Soil from the Châteaurenard Region [J]. Frontiers in Microbiology, 2018, 9: 568.
- [10] 郑国强, 李波. 一种土壤的强还原处理方法: CN109247092A [P]. 20190122.
- [11] 蔡祖聪, 张金波, 黄新琦, 等. 强还原土壤灭菌防控作物土传病的应用研究 [J]. 土壤学报, 2015, 52(3): 469-476.
- [12] 常亚锋. 强还原土壤处理效果影响因素分析 [D]. 南京: 南京师范大学, 2020.
- [13] 邵云, 王敬嫻, 张紧紧, 等. 耕作和有机物料还田对麦田土壤理化性质及产量效益的影响 [J]. 华北农学报, 2017, 32(5): 208-215.
- [14] 鲍士旦. 土壤农化分析 [M]. 3 版. 北京: 中国农业出版社, 2000.
- [15] 李启波, 王仕彪, 郝风, 等. “昌州”牌仔姜无公害生产技术规程 [J]. 南方农业, 2007, 1(2): 86-88.
- [16] 刘燃, 杨静, 贾切, 等. 网隔栽培法对生姜疫病防治及产量的影响 [J]. 植物医生, 2021, 34(1): 48-51.
- [17] 张伟. 犍为县生姜连作土壤微生物特性研究 [D]. 雅安: 四川农业大学, 2010.
- [18] 尹恩, 韩亚超, 陈毛华, 等. 蚯蚓粪对生姜连作障碍的影响 [J]. 安徽农业科学, 2012, 40(22): 11216-11218.
- [19] 潘汝浩. 防控生姜土传枯萎病及促生生物有机肥研制 [D]. 南京: 南京农业大学, 2013.
- [20] 马垒, 李燕, 魏建林, 等. 长期秸秆还田对潮土真菌群落、酶活性和小麦产量的影响 [J]. 环境科学, 2022, 43(10): 4755-4764.
- [21] 魏光钰, 胡勇, 吴永琴, 等. 土壤强还原处理对植烟土壤真菌群落结构及烤烟产质量的影响 [J]. 湖南农业科学, 2021(3): 34-39.
- [22] ZHAO J, LIU S, ZHOU X. Reductive Soil Disinfestation Incorporated with Organic Residue Combination Significantly Improves Soil Microbial Activity and Functional Diversity than Sole Residue Incorporation. Appl Microbiol Biotechnol. 2020, 104(17): 7573-7588.
- [23] 马怀良, 龚振杰, 陈欢, 等. 高温纤维素分解菌的分离、筛选及鉴定 [J]. 安徽农业科学, 2009, 37(29): 13987-13988.
- [24] LI X, CHEN J, ZHANG Q Z, et al. Microbial Community Responses to Multiple Soil Disinfestation Change Drivers [J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2021, 105(18): 6993-7007.

- [25] YADAV D R, KIM S W, BABU A G, et al. First Report of *Mortierella Alpina* (Mortierellaceae, Zygomycota) Isolated from Crop Field Soil in Korea [J]. *Mycobiology*, 2014, 42(4): 401-404.
- [26] ELTARIKI F E M, TIWARI K, ALHOOT M A. Molecular Characterization and Genetic Diversity of Four Undescribed Novel Oleaginous *Mortierella Alpina* Strains from Libya [J]. *F1000 Research*, 2021, 10: 895.
- [27] ZHANG Y, WU W, CAI L. Polyphasic Characterisation of *Chaetomium* Species from Soil and Compost Revealed High Number of Undescribed Species [J]. *Fungal Biology*, 2017, 121(1): 21-43.
- [28] DOU K, GAO J X, ZHANG C L, et al. *Trichoderma* Biodiversity in Major Ecological Systems of China [J]. *Journal of Microbiology* (Seoul, Korea), 2019, 57(8): 668-675.
- [29] OSZUST K, CYBULSKA J, FRAC M. How do *Trichoderma* Genus Fungi Win a Nutritional Competition Battle Against Soft Fruit Pathogens? A Report on Niche Overlap Nutritional Potentiates [J]. *International Journal of Molecular Sciences*, 2020, 21(12): 4235.
- [30] 冯镳童, 谢伟, 罗依帆, 等. 两株毛壳菌对马铃薯干腐病原菌的抑制作用 [J]. *中国植保导刊*, 2021, 41(12): 5-8, 50.
- [31] 杨涛, 赵疆, 魏亚琴, 等. 华重楼内生真菌聚多曲霉的促生与拮抗作用 [J]. *微生物学通报*, 2021, 48(8): 2665-2680.
- [32] 傅海平, 周品谦, 王沅江, 等. 绿肥间作对茶树根际土壤真菌群落的影响 [J]. *茶叶通讯*, 2020, 47(3): 406-415.
- [33] 胡华群. 磷对辣椒根系生长发育及生理代谢的影响 [D]. 贵阳: 贵州大学, 2009.
- [34] 徐敏. 不同品种烤烟磷利用反应差异的研究 [D]. 郑州: 河南农业大学, 2006.
- [35] HUANG X Q, LIU L L, WEN T, et al. Changes in the Soil Microbial Community after Reductive Soil Disinfection and Cucumber Seedling Cultivation [J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2016, 100(12): 5581-5593.
- [36] ZHANG D Q. Effects of Multi-Year Biofumigation on Soil Bacterial and Fungal Communities and Strawberry Yield [J]. *Environmental Pollution*, 2020, 256: 113415.
- [37] 陈士勇, 杨艳菊, 黄帅, 等. 强还原处理对西瓜连作土壤性质及西瓜产量的影响 [J]. *扬州大学学报(农业与生命科学版)*, 2019, 40(5): 103-109.
- [38] 孙继梅. 不同有机物料对土壤氮素分布特征及玉米产量的影响 [D]. 长春: 吉林农业大学, 2016.
- [39] 刘艳妮, 马臣, 童耀宏, 等. 生姜长势与土壤养分状况关系研究 [J]. *西北园艺(综合)*, 2021(3): 63-65.

责任编辑 苏荣艳