

不同种植模式背景下栽植生姜对紫色土细菌多样性的影响*

王旭熙 吴福忠 杨万勤[†] 罗 艺 王 奥

(四川农业大学林学院, 林业生态工程重点实验室, 四川雅安 625014)

摘 要 为了解栽植生姜对岷江下游紫色丘陵区不同种植模式背景下典型紫色土微生物多样性的影响, 采用 PCR-DGGE 与 DNA 序列分析方法, 研究了紫色丘陵区玉米 + 红薯间作、大豆单作、生姜连作、水稻-紫云英轮作等 4 种典型种植模式背景下栽植生姜前后土壤细菌多样性变化特征。PCR-DGGE 分子指纹图谱结果表明, 同一种种植模式下栽种生姜前后 DGGE 条带数目、位置和亮度差异明显。栽种生姜均降低了各模式下土壤细菌群落丰富度和 Shannon-Wiener 指数, 明显改变了土壤细菌群落结构, 其中生姜连作模式背景下土壤细菌丰富度和 Shannon-Wiener 指数下降幅度最大, 玉米 + 红薯间作模式下降幅度最小, 但栽植生姜后 4 种种植模式之间土壤细菌群落结构相似度明显增加。DGGE 特征条带的序列分析表明, 栽植生姜后, 土壤细菌中的部分绿弯菌门类群消失, 部分硝化螺旋菌门类群仅在水稻-紫云英轮作模式中发现, 玉米 + 红薯间作模式中出现了短波单胞菌门的细菌。这些结果为了解栽植生姜对土壤环境的影响以及生姜种植模式的优化提供了一定的科学依据。

关键词 细菌多样性; 生姜; 紫色土; 种植模式; DGGE

中图分类号 S154.3 **文献标识码** A

土壤微生物是农业土壤生态系统的重要组成部分, 在农业生态系统物质能量转化过程中起着重要作用^[1]。已有研究表明, 农业生产中不适的轮作、间作和长期的连作容易引起土壤可培养细菌数量的显著下降^[2-3]、土壤微生物多样性的丧失以及群落结构的明显改变^[4-6]。土壤微生物群落结构的变化可能进一步影响土壤团粒结构、有效养分等理化性质以及土壤酶活性特征^[7], 进而改变农业土壤生态系统的养分循环等生态系统过程, 不利于后续农作物的健康生长。因此, 认识田间条件不同种植模式背景下重要农作物对土壤微生物群落结构的影响, 对于相关物种的种植生产以及区域农业生态系统健康的维持具有重要的理论和实践意义。

生姜 (*Zingiber officinale* Rosc.) 是百姓餐桌上常见的调味品和保健蔬菜, 具有一定的药用价值, 是长江上游紫色丘陵区最为重要的经济作物之一。研究发现, 生姜根、茎和叶中均含有较高浓度的阿

魏酸、丁香酸、香豆酸和伞花内脂等化感物质^[8]。化感物质进入土壤后, 可能与土壤微生物相互作用而对土壤微生物数量和活性造成不同程度的影响, 改变土壤微生物群落结构, 影响土壤生态系统的稳定性^[9], 并可能是目前生姜连作中灾害性病虫害频发的重要原因之一。此外, 由于不同模式间农作物的搭配、耕作方式及施肥等管理措施的差异, 导致不同种植模式下的土壤微生物群落具有不同的特征^[10-12], 这可能在一定程度上影响下一茬生姜的种植和生产, 但一直缺乏应有的关注。因此, 为了解不同种植模式背景下种植生姜对土壤微生物特征的影响, 选取岷江下游典型紫色丘陵区 4 种典型种植模式为研究对象, 采用 PCR-DGGE 与 DNA 序列分析方法研究不同种植模式背景下栽植生姜对土壤细菌群落结构的影响, 以期为区域特色经济作物生姜对土壤环境的影响以及生姜种植模式的优化提供一定的科学依据。

* 四川省重点公益性项目 (2007NGY006)、国家科技支撑计划课题 (2008BAD98B03 - 07)、四川高等学校科技创新重大培育计划 (2007ZZ024, 09ZZ023) 和四川农业大学“211”创新团队建设项目资助

[†] 通讯作者: 杨万勤, 教授, 博士, 博士生导师。E-mail: scyangwq@163.com

作者简介: 王旭熙 (1985—), 女, 四川眉山人, 硕士研究生, 主要研究方向土壤生态。E-mail: wangxuxi1985@163.com

收稿日期: 2010-09-17; 收到修改稿日期: 2011-03-18

1 材料与方 法

1.1 实验设置

基于本底调查,选取丘陵区长期普遍种植,环境条件基本一致,地块相邻的 4 种典型种植模式开展生姜栽植实验,具体为:玉米+红薯间作(M1)、大豆单作(M2)、生姜连作(M3)、水稻-紫云英轮作(M4)。根据实际地块大小,在每一模式下设置固定监测样地。待各样地农作物收获后,于 2009 年 4 月在各样地栽植生姜。4 个样地的肥水管理、病虫害防治及其他田间管理均按照实际种植习惯进行。

1.2 土壤样品采集

分别于 2009 年 4 月前茬农作物收获后、2009 年 11 月生姜收获前采集土壤样品,每次在样地内随机选 5 个样点采样,采集的土壤样品混匀后置于便携式冰盒带回实验室,立刻置于 $-70\text{ }^{\circ}\text{C}$ 冰箱中保存,用于土壤微生物多样性的测定。

1.3 总 DNA 提取和 16S rDNA V3 区 PCR 扩增

参照 Zhou 等的方法提取土壤微生物总 DNA^[13]。PCR 扩增引物采用 16S rRNA gene 的特异 V3 区特异引物 341f 和 534r^[14],其序列如下: 341f(5'-CGCCCCGCCGCGCCCGCGCCCGTCCCGC-CGCCCGGCCCGCCTACGGGAGGCAGCAG-3'); 534r(5'-ATTACCGCGGCTGCTGG-3')。PCR 反应的体系为 50 μl ,包括 25 μl Premix Ex Taq、上/下游引物各 1 μl (20 mmol L⁻¹)、约 100 ng 模板,最终以去离子水补足 50 μl 。在 Bio-Rad Cycle PCR 仪中进行 PCR 扩增反应,反应条件为:预变性 95 $^{\circ}\text{C}$ 5 min, 30 个循环为 95 $^{\circ}\text{C}$ 1 min, 55 $^{\circ}\text{C}$ 1 min 和 72 $^{\circ}\text{C}$ 1 min,最后 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 5 min。PCR 扩增产物用 2% 琼脂糖凝胶电泳检测,其大小约 200 bp。

1.4 变性梯度凝胶电泳(DGGE)

采用 Bio-Rad Dcode sytem 对 PCR 产物进行电泳分离。变性剂浓度为 35%~65%,在 100 V,60 $^{\circ}\text{C}$ 下电泳 16 h。电泳结束后用硝酸银染色^[15]。由 Bio-Rad GS-800 光密度仪扫描成像,Quantity One 4.62 软件对图谱进行分析,采用 UPGMA (Un-weighted pair group method using arithmetic averages) 方法进行聚类分析。通过条带的相对位置和相对强度计算 Shannon-Wiener 指数(H)、丰富度指数(S)和均匀度指数(E)^[16]来评价样品中微生物

的多样性。

$$H = - \sum_{i=1}^s P_i \ln P_i, E = H/H_{\max} = H/\ln S$$

式中, P_i 为某一条带的强度与同泳道中所有条带总强度的比值, S 为每一泳道总的条带数即种的数目。

1.5 DGGE 条带的克隆、测序及序列分析

将 DGGE 凝胶中切割的条带(Band A~L,图 1)为模板再次进行 PCR 扩增、DGGE 纯化、验证后,用不含 GC clamp 的引物扩增后经 TA 克隆,送上海生物工程技术有限公司进行序列测定。得到的序列提交至 GenBank 并进行 BLAST 分析,登录号为 HQ111438-HQ111449。并采用 Clustal X 软件包进行比对后用 MEGA 4.0 软件包以邻接法(Neighbor-Join method, NJ)构建系统发育树。

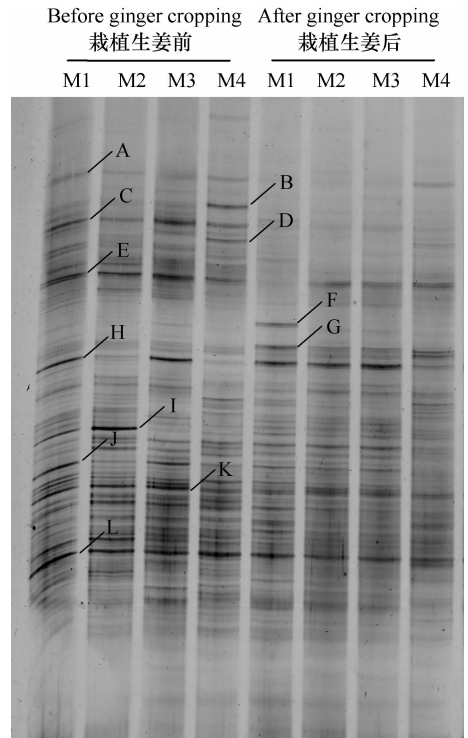


图 1 不同种植模式下载植生姜前后土壤细菌 16S rRNA 基因的 DGGE 分子指纹图谱 (M1:玉米+红薯间作;M2:大豆单作;M3:生姜连作;M4:水稻-紫云英轮作;A~L 为条带编号。下同)

Fig. 1 Effects of ginger cultivation on DGGE fingerprints of amplified 16S rRNA V3 fragments in soils in different cropping modes (M1: Interplanting of corn + sweet potato; M2: Monocropping of soybean; M3: Continuous cropping of ginger; M4: rice-milk vetch rotation cropping; A~L are numbers of bands.

The same below)

2 结果分析

2.1 DGGE 图谱及相似度

DGGE 图谱表明,各种种植模式背景下栽植生姜前后 DGGE 条带数目、位置和亮度表现出明显差异(图 1)。栽植生姜后各种种植模式的 DGGE 条带数目明显小于栽植生姜前的 DGGE 条带数目。通过 UPGMA 方法对样品 DGGE 图谱进行聚类分析显示(图 2),栽植生姜前 4 种植模式土壤细菌群落结构的相似度为 0.58,栽植生姜增加了 4 种植模式背景下土壤

细菌群落的相似度(相似度 0.64)。栽植生姜前,土壤细菌群落在 M1 和 M2 模式下以及 M3 和 M4 模式下分别聚为一类。栽植生姜后 M2 和 M3 模式下土壤细菌群落相似度最高。

此外,栽植生姜前不同模式背景下土壤细菌群落丰富度表现为:M3 > M1 > M2 > M4,但栽植生姜后表现为:M1 > M2 > M3 = M4(表 1)。栽植生姜明显降低了土壤细菌群落的 Shannon-Wiener 指数和丰富度,但对均匀度无显著影响。4 种植模式背景下栽植生姜后土壤细菌群落 Shannon-Wiener 指数和丰富度下降幅度 M3 > M4 > M2 > M1。

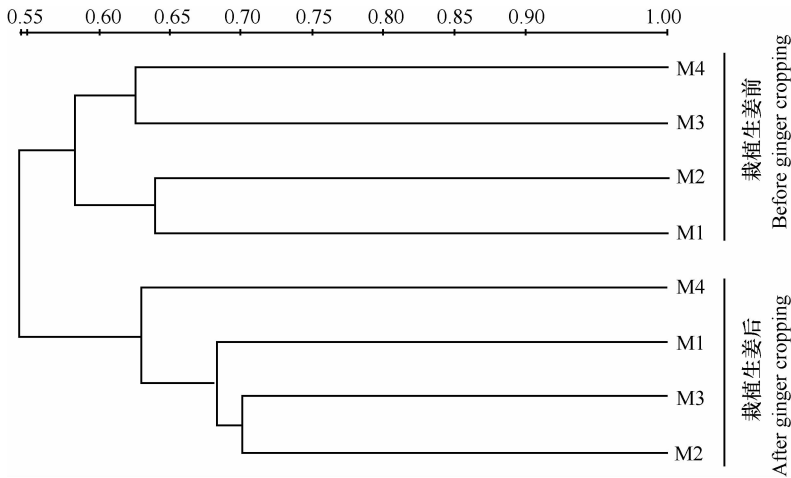


图 2 不同种植模式下栽植生姜前后 DGGE 条带的聚类分析结果

Fig. 2 Clusteranalysis of DGGE bands in soils in different cropping modes as affected by ginger cultivation

表 1 不同种植模式下栽植生姜前后土壤细菌群落多样性指数

Table 1 Variation of diversity indices of soil bacterial communities in soils in different cropping modes as affected by ginger cultivation

种植模式 Cropping mode	栽植生姜前 Before ginger cropping			栽植生姜后 After ginger cropping		
	香农-威纳指数 Shannon-Wiener index	丰富度指数 Richness index	均匀度指数 Evenness index	香农-威纳指数 Shannon-Wiener index	丰富度指数 Richness index	均匀度指数 Evenness index
	M1	3.23	30	0.95	3.03	23
M2	3.22	28	0.97	2.87	20	0.96
M3	3.29	31	0.96	2.81	19	0.95
M4	3.22	27	0.98	2.83	19	0.96

注:M1:玉米+红薯间作;M2:大豆单作;M3:生姜连作;M4:水稻-紫云英轮作 Notes: M1: Interplanting of corn + sweet potato; M2: Monocropping of soybean; M3: Continuous cropping of ginger; M4: rice-milk vetch rotation cropping

2.2 土壤细菌类群变化特征

所测定的 12 个序列(A~L)与 GenBank 数据库中的已知细菌均具有较高的相似性(>97%)(表 2)。4 种植模式栽植生姜前后土壤中优势细菌种群分为 7 类(图 3):Band H, K, L 为变形细菌门(Pro-

teobacteria), Band C, E 为绿弯菌门(Chloroflexi), Band A, J 为硝化螺旋菌门(Nitrospira), 以及 Band I, G 为未鉴定的细菌(Unclassified bacteria), Band B, D, F 分别为拟杆菌门(Bacteroidetes)、寡养单胞菌属(Stenotrophomonas)、短波单胞菌属(Brevundimonas)。

表 2 不同种植模式下栽植生姜前后土壤中优势菌群特征

Table 2 Variation of dominant bacterium populations in soils in different cropping modes as affected by ginger cultivation

条带 编号 Number	栽植生姜前 Before ginger cropping	栽植生姜后 After ginger cropping	Genbank 数据库中最相近的菌种名称及登录号 Names and registration No's of the bacterium strains closest in Genbank	相似性 Similarity
Band A	M1 M2 M3 M4	M4	Uncultured bacterium (FM956196)	100%
			Uncultured Nitrospira sp (EU043555)	98%
Band B	M4		Uncultured Bacterioidetes bacterium (GQ469444)	98%
			Uncultured bacterium clone TF162 (GU272266)	98%
Band C	M1 M2 M3 M4		Uncultured Chloroflexi bacterium (EF651232)	99%
			Uncultured soil bacterium clone (GU366003)	100%
Band D	M4		<i>Stenotrophomonas</i> sp. MJ03 (GQ241320)	100%
			<i>Stenotrophomonas</i> sp. VC-YC6671 (EU734635)	100%
Band E	M1 M2 M3 M4	M2 M3 M4	Uncultured bacterium clone B16-B95 (GQ458116)	98%
			Uncultured bacterium clone AA135 (GQ859737)	98%
Band F		M1	<i>Brevundimonas</i> sp. OU6 (FN663626)	100%
			<i>Brevundimonas</i> sp. M5-27 (FN821834)	100%
Band G	M1 M2 M3 M4	M1 M2 M3 M4	Uncultured bacterium clone 1062Rh (GU200770)	98%
			Uncultured bacterium clone SL12/41 (GU194208)	98%
Band H	M1 M2 M3 M4	M1 M2 M3 M4	<i>Sphingomonas</i> sp. JMT 1928 (GU479710)	100%
			<i>Sphingomonas</i> sp. JMT 1923 (GU479711)	100%
Band I	M1 M2		Uncultured bacterium clone (GQ860168)	99%
			Uncultured soil bacterium clone (DQ123735)	99%
Band J	M1 M3	M1 M3	Uncultured Nitrospira sp (EU297410)	100%
			Uncultured Nitrospiraceae bacterium (GQ338781)	100%
Band K	M1 M2 M3 M4	M1 M2 M3 M4	Uncultured Sphingomonas sp(FJ215466)	100%
			Uncultured Sphingomonas sp(FJ215465)	100%
Band L	M1 M2 M3 M4	M1 M2 M3 M4	Uncultured Alphaproteobacteria bacterium(CU918583)	98%
			Uncultured Alphaproteobacteria bacterium(CU920521)	98%

注: M1: 玉米 + 红薯间作; M2: 大豆单作; M3: 生姜连作; M4: 水稻-紫云英轮作 Notes: M1: Interplanting of corn + sweet potato; M2: Monocropping of soybean; M3: Continuous cropping of ginger; M4: rice-milk vetch rotation cropping

Band H, K, L, C, E, A, G 是栽植生姜前 4 种植模式共有的条带,栽植生姜后,在 4 种植模式中 Band H, K, L, G 变化不明显, Band C 均消失, Band E 仅在 M1 中消失, Band A 仅在 M4 中出现。Band J 为

M1、M3 共有的条带,栽植生姜后变化不明显。Band I 为 M1 与 M2 共有的条带,栽植生姜后均消失。Band B, D 是 M4 中特有的条带,栽植生姜后也消失。Band F 为栽植生姜后 M1 中出现的特有带。

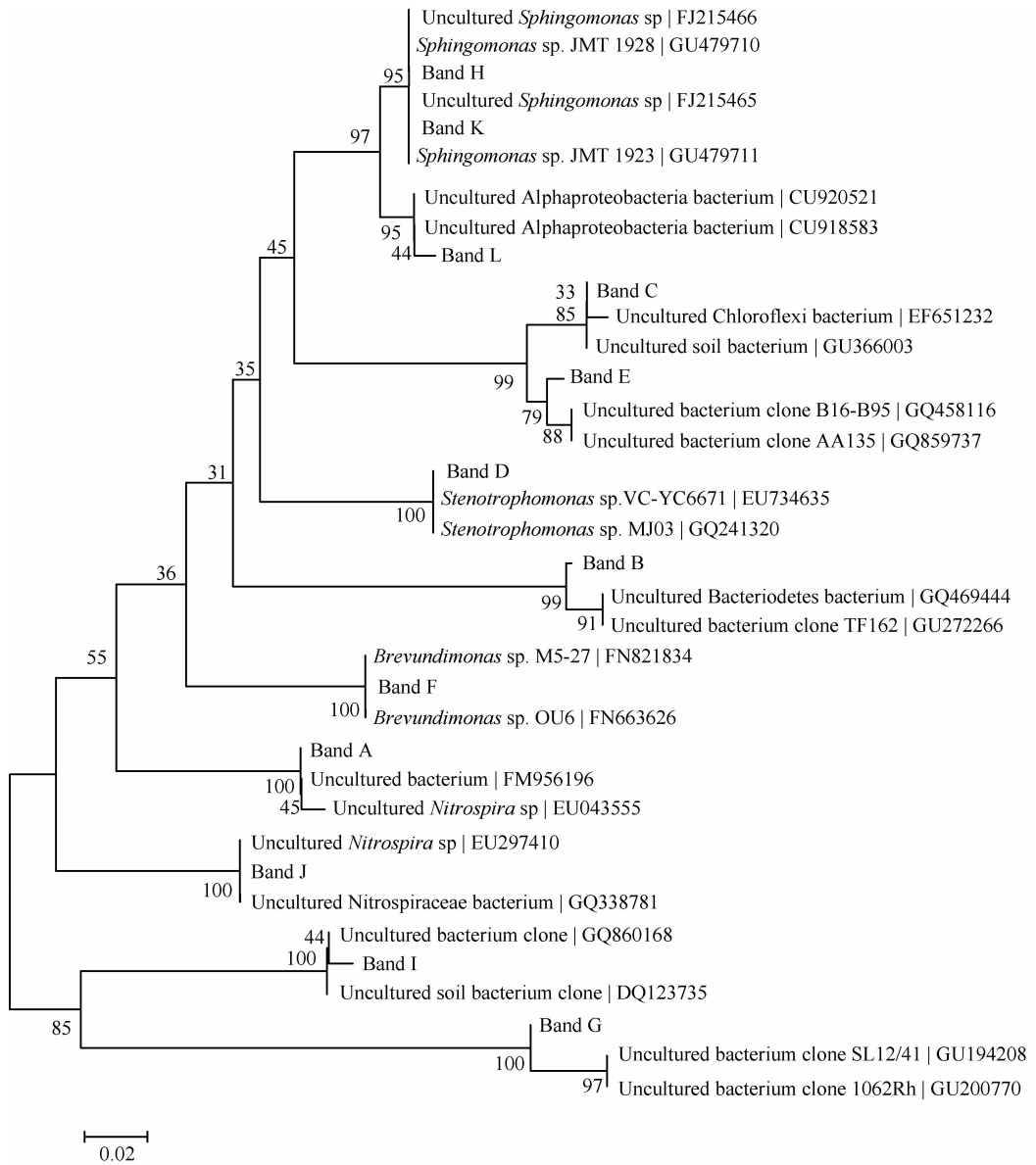


图3 不同种植模式土壤优势菌系统发育树

Fig. 3 Phylogenetic tree of dominant strains in soils in different cropping modes

3 讨论

改变种植模式可能影响农业生态系统中土壤微生物群落结构与功能^[17]。本实验通过 PCR-DGGE 分析也得出,不同模式背景下栽植生姜前后凝胶电泳条带数目、位置和亮度均存在明显差异,栽植生姜显著降低了细菌群落丰富度和 Shannon-Wiener 指数,改变了细菌群落结构特征,如水稻-紫云英轮作模式下优势类群寡养单胞菌属和拟杆菌门在栽植生姜后消失。由于寡养单胞菌属类群中可能具有能与水稻共生的病原菌^[18],而这种模式可

能有效降低土壤病原菌的种类与数量,可能成为有效降低作物病虫害的水旱轮作方式,这些结果也一定程度上证明了合理的轮作种植模式有利于减轻病原菌危害这一普遍观点^[19]。同时,本实验还发现不同种植模式下栽植生姜后细菌群落丰富度和 Shannon-Wiener 指数下降幅度不同($M3 > M4 > M2 > M1$),且土壤细菌类群的变化也表现出较大差异,如 4 种植模式中固有的一些硝化螺旋菌门类群,栽植生姜后只在 M4 中存在;4 种植模式中固有的一些绿弯菌门类群,栽植生姜后只在 M1 中消失。上述结果表明种植模式(特别是栽植具有一定化感作用的植物,如生姜)对土壤微生物群落结构具有

重要影响,而且暗示着合理的轮作种植模式可以在一定程度上缓冲栽植生姜对土壤微生物的负面影响。

种植模式对土壤微生物群落结构的影响主要表现在以下三个方面。

第一,不同种植模式下底物种类和数量输入的差异对土壤微生物群落结构的影响。一方面,施肥管理、锄割和清地等措施在不同种植模式下的差异改变了微生物底物的种类和数量^[10-11,20-21]。虽然本研究并未涉及具体种植措施对土壤微生物的影响,但在调查的4种植植模式中,玉米+红薯间作种植后遗留了相对较多数量和种类的植物残留组织,可能为土壤微生物提供更为丰富多样的底物。因此,相对于其他3种模式,在该种植模式下栽植生姜后具有相对较高的细菌群落丰富度。然而,生姜连作种植模式下土壤细菌群落丰富度下降幅度最大(达40%),表明生姜重茬不利于土壤细菌群落多样性的维持。另一方面,栽植相同植物可以通过凋落物、根系和分泌物提供相对均一的微生物底物^[22-23],从而定向选择特定的微生物生长,这可能导致土壤微生物群落结构表现出均一化的趋势。本研究中不同种植模式背景下种植生姜后土壤微生物相似度均有所提高充分体现了这一观点,这也可能是生姜连作障碍的重要原因之一。

第二,不同种植模式下土壤环境条件差异对土壤微生物群落结构的影响。不同种植模式下耕作制度和管理模式的差异可能改变土壤养分、酸碱度和氧化还原状况等环境条件变化,进而改变土壤微生物群落结构^[24-25]。Morris等^[26]的研究表明,相对于免耕模式,深耕对土层扰动大,具有较低的土壤有效养分,不利于土壤微生物的繁殖和生长^[27]。根据我国农业标准 NY/T5226-2004《无公害食品生姜生产技术规程》,生姜种植需要多次深耕、翻晒和中耕等管理措施。而大豆往往是免耕种植。本研究中大豆模式下栽植生姜后土壤细菌丰富度和 Shannon-Wiener 指数降低幅度较大,充分说明了深耕改变了土壤环境且不利于土壤微生物群落结构的维持。本项研究还发现水稻-紫云英轮作模式下栽植生姜后与其他模式间相似性均较小,这可能与水旱轮作体系土壤氧化还原过程交替进行,导致土壤中好氧性微生物和厌氧性微生物数量发生变化,影响土壤微生物群落结构^[28-29]。此外,生姜根、茎和叶中均含有较高浓度的阿魏酸、丁香酸、香豆酸和伞花内脂等化感物质^[8],可直接抑制土壤微生物

生长,并通过改变土壤 pH 等环境特征间接改变土壤微生物群落结构^[30]。如本项研究中栽植生姜后一些硝化螺旋菌门类群消失,可能是因为生姜产生的化感物质如阿魏酸等抑制了相关微生物的生长。这与刘秀芬的研究结论基本一致^[31]。

第三,不同种植模式由于环境条件的差异,可能导致生姜化感物质在土壤中的降解与有效性,从而间接影响微生物群落结构。化感物质在土壤环境的滞留、转化、迁移等过程中,可能发生氧化、还原、分解等一系列反应,最终导致化感作用的增加或降低^[32]。有研究发现,较差的土壤通气性和透水性,有利于化感物质在土壤中积累、增加化感有效性;相反则降低化感物质的有效性^[33]。本研究中生姜连作模式和大豆免耕模式下栽植生姜前后土壤细菌丰富度和 Shannon-Wiener 指数以及细菌群落结构均存在差异可能与生姜化感物质的有效性有关。但本文并未涉及不同土壤环境条件下化感物质的有效性,这需要进一步深入研究。

综上所述,栽种生姜改变了岷江下游紫色丘陵区4种典型种植模式下土壤细菌群落结构组成,降低了4种植植模式中土壤细菌群落的丰富度和 Shannon-Wiener 指数。但各模式间细菌类群变化特征、丰富度和 Shannon-Wiener 指数下降幅度均存在明显差异,说明种植模式强烈影响土壤细菌多样性。此外,在4种植植模式中,生姜连作模式背景下栽植生姜后细菌群落丰富度和 Shannon-Wiener 指数下降幅度最大。玉米+红薯间作模式背景下栽植生姜后可以维持较高的土壤细菌群落多样性,可能成为该区合理的生姜轮作模式。这些结果为区域合理选择种植模式、优化种植方式、加强管理以维持区域土壤生态系统健康提供了一定的理论依据。

参 考 文 献

- [1] 林先贵,胡君利. 土壤微生物多样性的科学内涵及其生态服务功能. 土壤学报, 2008, 45(5): 892—900. Lin X G, Hu J L. Scientific connotation and ecological service function of soil microbial diversity (In Chinese). Acta Pedologica Sinica, 2008, 45(5): 892—900
- [2] 陈慧,郝慧荣,熊君,等. 地黄连作对根际微生物区系及土壤酶活性的影响. 应用生态学报, 2007, 18(12): 2 755—2 759. Chen H, Hao H R, Xiong J, et al. Effects of successive cropping *Rehmannia glutinosa* on rhizosphere soil microbial flora and enzyme activities (In Chinese). Chinese Journal of Applied Ecology, 2007, 18(12): 2 755—2 759
- [3] 张丽红,符建平,高丽红,等. 不同蔬菜轮作对日光温室土壤微生物的影响. 中国农学通报, 2010, 26(1): 140—144.

- Zhang L H, Fu J P, Gao L H, et al. Effects of different rotation models on soil micro-organisms in greenhouse (In Chinese). Chinese Agricultural Science Bulletin, 2010, 26(1): 140—144
- [4] 胡元森, 吴坤, 李翠香, 等. 黄瓜连作对土壤微生物区系影响 II -基于 DGGE 方法对微生物种群的变化分析. 中国农业科学, 2007, 40(10): 2 267—2 273. Hu Y S, Wu K, Li C X, et al. Effect of continuous cropping of cucumber on soil microbial population II. Variation analysis based on DGGE approach (In Chinese). Scientia Agricultura Sinica, 2007, 40(10): 2 267—2 273
- [5] 吴凤芝, 王学征. 设施黄瓜连作和轮作中土壤微生物群落多样性的变化及其与产量品质的关系. 中国农业科学, 2007, 40(10): 2 274—2 280. Wu F Z, Wang X Z. Effect of mono-cropping and rotation on soil microbial community diversity and cucumber yield, quality under protected cultivation (In Chinese). Scientia Agricultura Sinica, 2007, 40(10): 2 274—2 280
- [6] 吴凤芝, 周新刚. 不同作物间作对黄瓜病害及土壤微生物群落多样性的影响. 土壤学报, 2009, 46(5): 899—906. Wu F Z, Zhou X G. Effects of intercropping of cucumber with different crops on cucumber diseases and soil microbial community diversity (In Chinese). Acta Pedologica Sinica, 2009, 46(5): 899—906
- [7] 杨万勤. 土壤生态学研究. 成都: 四川科技学术出版社, 2008: 25—28. Yang W Q. Researches on soil ecology (In Chinese). Chengdu: Sichuan Publishing House of Science and Technology, 2008: 25—28
- [8] Han C M, Pan K W, Wu N, et al. Allelopathic effect of ginger on seed germination and seedling growth of soybean and chive. Scientia Horticulturae, 2008, 116: 330—336
- [9] Morra M J. Assessing the impact of transgenic plant products on soil organisms. Molecular Ecology, 1994, 3: 53—55
- [10] 李升东, 王法宏, 司纪升, 等. 耕作方式对土壤微生物和土壤肥力的影响. 生态环境学报, 2009, 18(5): 1 961—1 964. Li S D, Wang F H, Si J S, et al. Effect of different farming methods on soil microbial biomass and soil fertility (In Chinese). Ecology and Environmental Sciences, 2009, 18(5): 1 961—1 964
- [11] 杨江山, 张恩和, 黄高宝, 等. 保护性耕作对麦药轮作土壤酶活性和微生物数量的影响. 生态学报, 2010, 30(3): 824—829. Yang J S, Zhang E H, Huang G B, et al. Effects of conservation tillage on soil microbes quantities and enzyme activities in wheat-herb rotation system (In Chinese). Acta Ecologica Sinica, 2010, 30(3): 824—829
- [12] 毕明丽, 宇万太, 姜子绍, 等. 施肥和土壤管理对土壤微生物生物量碳、氮和群落结构的影响. 生态学报, 2010, 30(1): 32—42. Bi M L, Yu W T, Jiang Z S, et al. Effect of fertilization and soil management on microbial biomass and community (In Chinese). Acta Ecologica Sinica, 2010, 30(1): 32—42
- [13] Zhou J Z, Mary A B, James M T. DNA recovery from soils of diverse composition. Applied and Environmental Microbiology, 1996, 62(2): 316—322
- [14] Muyzer G, de Wall E C, Uitterlinden A G. Profiling of complex microbial populations by denaturing gradient gel electrophoresis analysis of polymerase chain reaction-amplified genes coding for 16S rRNA. Applied and Environmental Microbiology, 1993, 59(3): 695—700
- [15] Radojkovica D, Kusic J. Silver staining of denaturing gradient gel electrophoresis gels. Clinical Chemistry, 2000, 46: 883—884
- [16] 孙儒泳. 基础生态学. 北京: 高等教育出版社, 2002, 143—144. Sun R Y. Basic ecology (In Chinese). Beijing: Higher Education Press, 2002: 143—144
- [17] 董艳, 董坤, 郑毅, 等. 种植年限和种植模式对设施土壤微生物区系和酶活性的影响. 农业环境科学学报, 2009, 28(3): 527—532. Dong Y, Dong K, Zheng Y, et al. Soil microbial community and activities in greenhouse with different cultivation years and planting system (In Chinese). Journal of Agro-Environment Science, 2009, 28(3): 527—532
- [18] 陈志谊, 许志刚, Mew T W. 水稻纹枯病拮抗细菌的种群分布及其生物多样性研究. 植物病理学报, 1999, 29(2): 99—103. Chen Z Y, Xu Z G, Mew T W. Study on the population distribution and biodiversity of antagonistic bacterial against *Rhizoctonia solani* (In Chinese). Acta Phytopathologica Sinica, 1999, 29(2): 99—103
- [19] 熊鸿焰, 李廷轩, 张锡洲, 等. 水旱轮作后免耕水稻土微生物数量和生物量的变化特征研究. 土壤, 2008, 40(6): 920—925. Xiong H Y, Li T X, Zhang X Z, et al. Amount changes of microorganism and microbial biomass of no-tillage paddy soil after paddy-upland rotation (In Chinese). Soils, 2008, 40(6): 920—925
- [20] 王光华, 金剑, 徐美娜, 等. 植物、土壤及土壤管理对土壤微生物群落结构的影响. 生态学杂志, 2006, 25(5): 550—556. Wang G H, Jin J, Xu M N, et al. Effects of plant, soil and soil management on soil microbial community diversity (In Chinese). Chinese Journal of Ecology, 2006, 25(5): 550—556
- [21] Wang G H, Jin J, Liu J J, et al. Bacterial community structure in a mollisol under long-term natural restoration, cropping, and bare fallow history estimated by PCR-DGGE. Pedosphere, 2009, 19(2): 156—165
- [22] Wardle D A, Bardgett R D, Klironomos J N, et al. Ecological linkages between aboveground and belowground biota. Science, 2004, 304: 1 629—1 633
- [23] 李勇, 黄小芳, 丁万隆. 根系分泌物及其对植物根际土壤微生物生态环境的影响. 华北农学报, 2008, 23(1): 182—186. Li Y, Huang X F, Ding W L. Root exudates and their effects on plant rhizosphere soil micro-ecology environment (In Chinese). Acta Agriculturae Boreali-Sinica, 2008, 23(1): 182—186
- [24] 李茜, 孙爱清, 郭恒俊. 农田不同种植模式与土壤质量的关系. 应用生态学报, 2010, 21(2): 365—372. Li H, Sun A Q, Guo H J. Effects of different planting patterns on farmland soil quality in yellow river alluvial plain of Shandong Province (In Chinese). Chinese Journal of Applied Ecology, 2010, 21(2): 365—372
- [25] Wang Z Y, Xin Y Z, Gao D M, et al. Microbial community

- characteristics in a degraded wetland of the Yellow River Delta. *Pedosphere*, 2010, 20(4): 466—478
- [26] Morris N L, Miller P C H, Orson J H, et al. The adoption of non-inversion tillage systems in the United Kingdom and the agronomic impact on soil, crops and the environment-A review. *Soil and Tillage Research*, 2010, 108: 1—15
- [27] 戴珏, 胡君利, 林先贵, 等. 免耕对潮土不同粒级团聚体有机碳含量及微生物碳代谢活性的影响. *土壤学报*. 2010, 47(5): 923—930. Dai J, Hu J L, Lin X G, et al. Effects of non-tillage on content of organic carbon and microbial carbonic metabolism of soil aggregates in a fluvo-aquic soil (In Chinese). *Acta Pedologica Sinica*, 2010, 47(5): 923—930
- [28] 范明生, 江荣风, 张福锁, 等. 水旱轮作系统作物养分管理策略. *应用生态学报*, 2008, 19(2): 424—432. Fan M S, Jiang R F, Zhang F S, et al. Nutrient management strategy of paddy rice-upland crop rotation system (In Chinese). *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2008, 19(2): 424—432
- [29] 黄昌勇. *土壤学*. 北京: 中国农业出版社, 2000: 56—57. Huang C Y. *Soil science* (In Chinese). Beijing: China Agriculture Press, 2000: 56—57
- [30] 王树起, 韩晓增, 乔云发. 根系分泌物的化感作用及其对土壤微生物的影响. *土壤通报*, 2007, 38(6): 1 219—1 226. Wang S Q, Han X Z, Qiao Y F. Allelopathy of root exudates and their effects on rhizosphere microorganism (In Chinese). *Chinese Journal of Soil Science*, 2007, 38(6): 1 219—1 226
- [31] 刘秀芬. 化感物质对土壤硝化作用的影响. *中国生态农业学报*, 2002, 10(2): 60—62. Liu X F. Effects of allelochemicals on soil nitrification (In Chinese). *Chinese Journal of Eco-Agriculture*, 2002, 10(2): 60—62
- [32] 王延平, 王华田. 植物根分泌的化感物质及其在土壤中的环境行为. *土壤通报*, 2010, 41(2): 501—507. Wang Y P, Wang H T. Allelochemicals from roots exudation and its environment behavior on soil (In Chinese). *Chinese Journal of Soil Science*, 2010, 41(2): 501—507
- [33] Kobayashi K. Review factor affecting phytotoxic activity of allelochemicals in soil. *Weed Biology and Management*, 2004, 4(1): 1—7

EFFECTS OF GINGER CROPPING ON BACTERIAL DIVERSITY IN PURPLE SOILS IN DIFFERENT CROPPING BACKGROUND

Wang Xuxi Wu Fuzhong Yang Wanqin[†] Luo Yi Wang Ao

(Key Laboratory of Ecological Forestry Engineering, Faculty of Forestry, Sichuan Agricultural University, Ya'an, Sichuan 625014, China)

Abstract Ginger cropping could regulate composition of soil microbial community, but its previous cropping might alleviate or aggregate the effect. To understand the effects of ginger cropping on soil microbial community as affected by its preceding cropping, variations of soil bacterial diversity were studied by analyzing PCR-DGGE fingerprints and DNA sequence in purple soil area of the Minjiang River. Four typical cropping modes (interplanting of corn + sweet potato, mono-cropping of soybean, continuous cropping of ginger, and rice-milk vetch rotation cropping) in this region were selected for the study. PCR-DGGE fingerprints clearly show that cultivation of ginger caused changes in number, position and brightness of DGGE bands, regardless of cropping background of the soil, e. g. reducing richness and Shannon-Wiener index of soil bacteria, and altering structure of the bacterial community. Among the four cropping patterns, the effects were the most significant in the one of continuous cropping of ginger, and the least in the one of interplanting of corn and sweet potato. However, cultivation of gingers made the soils under four different cropping patterns tend to be similar in structure of bacterial community. Sequencing of DGGE bands demonstrates that cultivation of ginger brought about disappearance of Chloroflexi group, and Nitrospira group as well, except for in the soil under the pattern of intercropping of rice-milk vetch, and appearance of bacteria of Brevundimonas in the soil under the pattern of interplanting of corn + sweet potato. The findings help understand the effects of ginger cultivation on soil environment, and provide some scientific basis for optimizing the mode of ginger cultivation.

Key words Bacterial biodiversity; Ginger; Purple soil; Cropping mode; DGGE