

万小琪, 窦维卉, 杨 雪, 等. 不同农艺型措施对温室黄瓜连作土壤的改良效果[J]. 江苏农业科学, 2022, 50(23): 228–234.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2022.23.034

不同农艺型措施对温室黄瓜连作土壤的改良效果

万小琪, 窦维卉, 杨 雪, 谢 洋, 张 宁, 武春成

(河北科技师范学院园艺科技学院/河北省特色园艺种质挖掘与创新利用重点实验室, 河北秦皇岛 066004)

摘要:为探究不同农艺型措施对温室黄瓜连作土壤的改良效果, 采用田间试验, 研究单施有机肥(CK)、微生物菌肥配施有机肥(MF)、高碳堆肥配施有机肥(CF)、微生物菌剂配施有机肥(MA)、生物炭和木霉菌配施有机肥(BT)5个处理对温室黄瓜产量、土壤化学性质以及土壤微生物多样性等方面的影响。结果表明, 与CK相比各处理黄瓜小区产量提高了1.17%~5.94%, 其中BT处理提高效果最为显著。MF处理提高了土壤pH值、电导率(EC值)及有机质、全氮、碱解氮、速效钾含量; BT处理提高了土壤pH值及有机质、速效钾含量, 降低了土壤EC值。在土壤细菌群落门水平下, BT处理提高了酸杆菌门(Acidobacteriota)的相对丰度, 显著降低了放线菌门(Actinobacteriota)的相对丰度; MF处理提高了变形菌门(Proteobacteria)的相对丰度。土壤真菌门水平下MF明显降低了子囊菌门(Ascomycota)的相对丰度。不同施肥处理下, 引起细菌和真菌群落结构变化的主要土壤环境因子为有机质和速效磷含量。综合分析认为, 微生物菌肥配施有机肥(MF)和生物炭、木霉菌配施有机肥(BT)2种措施可以改善土壤化学性质, 优化土壤微生物环境, 促进黄瓜生长。

关键词:黄瓜连作土壤; 生物炭; 微生物菌肥; 高碳堆肥; 微生物多样性

中图分类号: S156; S642.206 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2022)23-0228-07

黄瓜(*Cucumis sativus* L.)是我国主要栽培的设施蔬菜, 具有产量高、经济效益好的特点。但随着

设施黄瓜栽培年限的增加, 导致了土壤化学性质和土壤微生物环境的恶化, 降低了黄瓜的产量, 制约了设施黄瓜产业的持续性发展。

目前设施蔬菜连作土壤改良方面的研究较多, 如采用土壤消毒, 或者施入微生物菌肥、有机物料、生物炭等均能起到一定的改良效果。微生物菌肥通过微生物的生命活动, 产生植株所需的特定养分, 从而促进土壤中的物质转化和调控植株生长^[1]。田伟等研究表明, 微生物菌肥能促进植株生长, 促进土壤中有益微生物的繁殖^[2-4]。张玉博等

收稿日期: 2021-12-29

基金项目: 国家重点研发计划(编号: 2019YFD1001903); 河北省重点研发计划(编号: 21326901D); 河北省现代农业产业体系项目(编号: HBCT2018030209); 河北省创新能力提升计划(编号: 205676154H)。

作者简介: 万小琪(1997—), 女, 山东东营人, 硕士研究生, 主要从事设施蔬菜栽培生理研究。E-mail: 2685145112@qq.com。

通信作者: 武春成, 博士, 教授, 主要从事设施蔬菜栽培生理与土壤连作障碍研究。E-mail: wuchuncheng1979@126.com。

Environmentalist, 2008, 28(3): 231–235.

[18] Laird D, Fleming P, Wang B Q, et al. Biochar impact on nutrient leaching from a Midwestern agricultural soil[J]. Geoderma, 2010, 158(3/4): 436–442.

[19] 杨铁钊, 杨志晓, 林 娟, 等. 不同烤烟基因型根际钾营养和根系特性研究[J]. 土壤学报, 2009, 46(4): 646–651.

[20] Van Zwieten L, Kimber S, Morris S, et al. Effects of biochar from slow pyrolysis of papermill waste on agronomic performance and soil fertility[J]. Plant and Soil, 2010, 327(1/2): 235–246.

[21] Topoliantz S, Ponge J F, Ballof S. Manioc peel and charcoal: a potential organic amendment for sustainable soil fertility in the tropics[J]. Biology and Fertility of Soils, 2005, 41(1): 15–21.

[22] Liu X Y, Zhang A F, Ji C Y, et al. Biochar's effect on crop productivity and the dependence on experimental conditions—A

meta-analysis of literature data[J]. Plant & Soil, 2013, 373(1/2): 583–594.

[23] 花 莉, 张 成, 马宏瑞, 等. 秸秆生物质炭土地利用的环境效益研究[J]. 生态环境学报, 2010, 19(10): 2489–2492.

[24] (Han) Weng Z, van Zwieten L, Singh B P, et al. Biochar built soil carbon over a decade by stabilizing rhizodeposits[J]. Nature Climate Change, 2017, 7(5): 371–376.

[25] 刘赛男. 生物炭影响土壤磷素、钾素有效性的微生态机制[D]. 沈阳: 沈阳农业大学, 2016.

[26] Chen J H, Sun X, Zheng J F, et al. Biochar amendment changes temperature sensitivity of soil respiration and composition of microbial communities 3 years after incorporation in an organic carbon-poor dry cropland soil[J]. Biology and Fertility of Soils, 2018, 54(2): 175–188.

研究发现,木霉菌是一类重要的生防菌^[5],能促进幼苗生长,提高植株的抗性^[6-7]。生物炭能改善土壤性质和土壤微生物环境,进而促进植物生长,被广泛关注^[8-9]。王彩云等研究表明,施用添加质量比为 5% 的生物炭能促进黄瓜植株生长,提高果实产量^[10]。涂玉婷等研究发现,生物炭可通过改变土壤理化性质和微生物环境,达到促生、增产、提质的效果^[11]。虽然目前该方面的研究较多,但由于不同地域环境及土壤类型,各种措施的改良效果不尽相同。本研究以课题组在其他区域设施连作土壤改良方面表现较好的 4 种农艺型措施为试验处理,在秦皇岛市昌黎县温室秋冬茬黄瓜上进行试验,综合分析其对黄瓜产量、土壤化学性质以及土壤微生物多样性等方面的影响,以期探索出适合当地温室黄瓜连作土壤的改良方法。

1 材料与方法

1.1 试验区概况

田间试验于 2020 年 9 月至 2021 年 3 月在河北省秦皇岛市昌黎县新集镇小营村(119°10'E、39°42'N,海拔 22 m)日光温室进行,试验土壤为温室连续栽培黄瓜 15 年的土壤,基本理化性质为 pH 值 7.32,电导率(EC 值) 609.10 $\mu\text{S}/\text{cm}$,有机质含量 55.04 g/kg,碱解氮含量 196 mg/kg,速效磷含量 49.82 mg/kg,速效钾含量 239.02 mg/kg。

1.2 试验材料

供试黄瓜品种为田骄八号,由青岛硕丰源种业有限公司培育。微生物菌肥由山东友邦肥业科技有限公司提供,有机质含量 $\geq 40\%$,有效活菌数 ≥ 0.20 亿个/g。微生物菌剂由甘肃鸿远生物科技有限公司提供,有效活菌数 $\geq 10^8$ CFU/g。高碳堆肥由宁夏农林科学院园艺研究所提供,主要成分为柠条、鸡粪和生物炭混合发酵而成,有机质含量 $> 35.2\%$,基本理化性质为 pH 值 6.53,EC 值 7.23 $\mu\text{S}/\text{cm}$,速效磷含量 269.13 mg/kg,速效钾含量 2 370.36 mg/kg。生物炭以玉米秸秆为原料,由辽宁省的生物炭工程技术研究中心提供,基本性质为平均孔径 16.27 mm,粒径 1.5~2.0 mm,全碳含量 70.38%,全氮含量 1.53%,全磷含量 0.78%,全钾含量 1.68%,pH 值 8.97。木霉菌为木霉复合粉剂,由黑龙江八一农垦大学农学院、黑龙江田利保生物科技有限公司和黑龙江牧康牧业生物有限公司提供,有效活菌数 ≥ 10 亿个/g。有机肥由昌黎县

嘉诚实业集团有限公司提供,主要成分为菇渣和牛粪,有机质含量 $> 52\%$ 。

1.3 试验设计

田间试验采用随机区组设计,以每畦(每畦为 1 个小区,每个小区 3 次重复,畦长 6 m,畦面宽 1 m,畦间距 20 cm)单施有机肥 20.0 kg 为对照(CK),以课题组前期在不同区域试验过的 4 个农艺型改良措施为处理。(1)微生物菌肥配施有机肥(MF):每畦微生物菌肥 13.0 kg 配施有机肥 20.0 kg,有机肥散施深翻,与土壤混合均匀后做畦,微生物菌肥在定植时平均施入定植穴;(2)高碳堆肥配施有机肥(CF):每畦高碳堆肥 35.0 kg 配施有机肥 10.0 kg,各施入物散施深翻,与土壤混合均匀后做畦;(3)微生物菌剂配施有机肥(MA):每畦微生物菌剂 73.6 g 配施有机肥 20.0 kg,有机肥散施深翻,与土壤混合均匀后做畦,微生物菌剂在定植时平均施入定植穴;(4)生物炭和木霉菌配施有机肥(BT):每畦生物炭 20.0 kg、木霉菌 100 g 配施有机肥 20.0 kg,各施入物散施深翻,与土壤混合均匀后做畦。于 2020 年 10 月 9 日定植,1 叶 1 心黄瓜靠接苗,双行定植,每畦定植 46 株,畦面覆盖黑色地膜,膜下铺设滴灌管,日常管理同常规。

1.4 测定项目与方法

1.4.1 土壤取样方法 于黄瓜盛瓜期(2021 年 1 月 6 日)采集黄瓜根区土样,每个处理采用五点法采集 0~20 cm 耕层土壤。将土壤样品分别装于无菌塑料袋中,立刻带回实验室处理。一份放置在 $-80\text{ }^{\circ}\text{C}$ 的超低温冰箱中待测土壤微生物多样性,另一份在室内自然风干过 2 mm 的网筛后测定土壤化学性质。

1.4.2 小区产量测定 采用称量法定期按小区进行单独采摘,测定黄瓜质量,拉秧后统计小区总产量。

1.4.3 土壤化学性质测定 土壤 pH 值和 EC 值均用 DZS-708 型水质分析仪(上海雷磁公司)测定;土壤有机质含量用重铬酸钾容量-稀释热法测定;土壤碱解氮含量用碱解扩散法测定;土壤速效钾含量用醋酸铵-火焰光度计法测定;土壤速效磷含量用钼锑抗比色法测定;土壤全氮含量采用凯氏定氮法测定^[12-13]。

1.4.4 土壤微生物多样性测定 土壤细菌使用引物 338F(CTCTACGGGAGGCAGCAG)和 806R(GGACTACHVGGGTWTCTAAT)对 16S rRNA 基因

V3 ~ V4 区进行聚合酶链式反应(PCR)扩增。土壤真菌使用引物 ITS1F(CTTGGTCATTTAGAGGAAGTAA)和 ITS2R(GCTGCGTTCTTCATCGATGC)对 ITS1F ~ ITS2R 区进行 PCR 扩增,并根据上海美吉生物有限责任公司(上海)的标准方案在 Illumina MiSeq 平台上进行测序,细菌和真菌高通量测序数据分析均是基于上海美吉生物医药科技有限公司提供的云服务结果进行。

1.5 数据处理

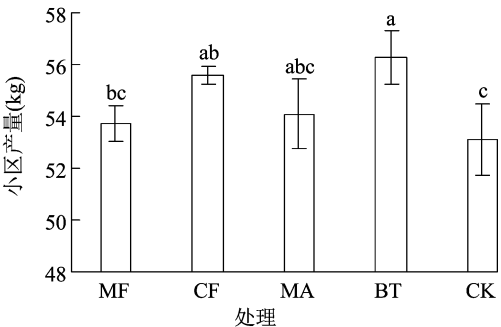
试验数据采用 DPS 9.01 软件中的新复极差法分析。根据操作分类单元(OTU)聚类,采用 Mothur 软件进行 alpha 多样性分析;群落组成分析基于 tax_summary_a 文件夹中的数据表,利用 Excel 2010 作表;用 R 语言进行层级聚类分析绘制树状图;常采用欧氏距离(Euclidean distances)进行基于距离的冗余分析(db-RDA)。

2 结果与分析

2.1 不同处理对黄瓜小区产量的影响

如图 1 所示,不同处理均提高了黄瓜的小区产

量,表现为 BT > CF > MA > MF > CK 处理,其中 CF 和 BT 处理均显著高于 CK,较 CK 分别提高了 4.69%、5.94%。



不同小写字母表示处理间差异显著(P<0.05)
图1 不同处理对黄瓜小区产量的影响

2.2 不同处理对土壤化学性质的影响

由表 1 可知,MF 处理的有机质、全氮和碱解氮含量与 CK 相比均显著提高;MF 处理的 pH 值显著高于 CF,MF 处理的全氮含量显著高于 MA 和 BT 处理;除 BT 处理外,其他处理的土壤 EC 值均高于 CK,但差异不显著;各处理间速效磷含量和速效钾含量均差异不显著。

表 1 不同处理对土壤化学性质的影响

处理	pH 值	EC 值 (μS/cm)	有机质含量 (g/kg)	全氮含量 (%)	碱解氮含量 (mg/kg)	速效磷含量 (mg/kg)	速效钾含量 (mg/kg)
MF	7.52 ± 0.04a	332 ± 26.90ab	43.42 ± 7.78a	0.27 ± 0.04a	164.5 ± 4.95a	184.5 ± 38.95a	326.7 ± 54.27a
CF	7.43 ± 0.05b	357 ± 13.40a	42.81 ± 5.19ab	0.26 ± 0.01ab	143.5 ± 4.95b	197.2 ± 26.46a	304.0 ± 42.02a
MA	7.49 ± 0.05ab	328 ± 10.60ab	41.58 ± 1.73ab	0.23 ± 0.02b	136.5 ± 4.95b	181.9 ± 8.50a	325.1 ± 27.71a
BT	7.51 ± 0.03ab	314 ± 9.20b	40.36 ± 1.73ab	0.24 ± 0.02b	112.0 ± 9.89c	185.5 ± 11.46a	312.1 ± 47.06a
CK	7.50 ± 0.01ab	322 ± 0.70ab	35.47 ± 1.73b	0.24 ± 0.02b	129.5 ± 4.95bc	195.1 ± 29.07a	306.4 ± 17.62a

注:同列数据后不同小写字母表示处理间差异显著(P<0.05)。下表同。

2.3 不同处理对土壤细菌和真菌群落多样性的影响

由表 2 可知,在细菌群落中,各处理的 OTU 数量和 Shannon 指数并无显著差异,MF 处理的

Simpson 指数显著低于 BT 处理。在真菌群落中,CF 处理的 OTU 数量显著高于其他处理和 CK;除 MA 处理外,各处理的 Shannon 指数均显著高于 CK,各处理的 Simpson 指数均显著低于 CK。

表 2 不同处理对土壤细菌和真菌群落的多样性分析

处理	细菌群落			真菌群落		
	OTU	香农(Shannon) 指数	辛普森(Simpson) 指数	OTU	香农(Shannon) 指数	辛普森(Simpson) 指数
MF	2 734 ± 104b	6.39 ± 0.07b	0.005 4 ± 0.000 8bc	214 ± 7b	3.36 ± 0.12b	0.071 6 ± 0.005 3b
CF	2 734 ± 104b	6.37 ± 0.02b	0.007 1 ± 0.000 7ab	310 ± 25a	3.93 ± 0.05a	0.041 3 ± 0.005 8b
MA	2 883 ± 52b	6.31 ± 0.03b	0.006 7 ± 0.001 3ab	192 ± 7b	3.06 ± 0.26c	0.108 6 ± 0.041 2a
BT	2 785 ± 65b	6.31 ± 0.06b	0.008 3 ± 0.002 3a	192 ± 63b	3.38 ± 0.13b	0.069 0 ± 0.008 6b
CK	4 677 ± 366a	6.85 ± 0.02a	0.003 7 ± 0.000 1c	201 ± 35b	2.96 ± 0.07c	0.105 5 ± 0.018 7a

2.4 不同处理对土壤细菌和真菌群落结构的影响

由表 3 可知,对土壤细菌群落结构分析发现,不同处理改变了土壤细菌门水平的相对丰度。各处理均降低了放线菌门的相对丰度,MA 处理显著提

高了厚壁菌门和骺骨细菌门的相对丰度;BT 处理与 CK 相比显著降低了放线菌门的相对丰度,显著提高了浮霉菌门的相对丰度。

表 3 不同处理对土壤细菌门水平主要菌群相对丰度的影响

处理	相对丰度(%)					
	变形菌门 (Proteobacteria)	酸杆菌门 (Acidobacteriota)	绿弯菌门 (Chloroflexi)	放线菌门 (Actinobacteriota)	厚壁菌门 (Firmicutes)	芽单胞菌门 (Gemmatimonadota)
CK	0.28 ± 0.02a	0.17 ± 0.01a	0.14 ± 0.01a	0.14 ± 0.01a	0.06 ± 0.01b	0.05 ± 0.00a
MF	0.29 ± 0.07a	0.16 ± 0.09a	0.14 ± 0.02a	0.13 ± 0.02ab	0.06 ± 0.00b	0.06 ± 0.01a
CF	0.27 ± 0.04a	0.19 ± 0.01a	0.14 ± 0.00a	0.12 ± 0.02ab	0.05 ± 0.01b	0.06 ± 0.00a
MA	0.29 ± 0.04a	0.15 ± 0.06a	0.12 ± 0.01a	0.12 ± 0.02ab	0.08 ± 0.01a	0.06 ± 0.01a
BT	0.22 ± 0.01a	0.25 ± 0.02a	0.14 ± 0.01a	0.11 ± 0.00b	0.06 ± 0.00b	0.05 ± 0.01a

处理	相对丰度(%)					
	拟杆菌门 (Bacteroidota)	黏菌门 (Myxomycophyta)	骺骨细菌门 (Patescibacteria)	浮霉菌门 (Planctomycetota)	匿杆菌门 (Latescibacterota)	噬菌蛭弧菌 (Bdellovibrionota)
CK	0.05 ± 0.01a	0.03 ± 0.00ab	0.02 ± 0.00b	0.01 ± 0.00b	0.01 ± 0.00ab	0.01 ± 0.00b
MF	0.04 ± 0.00a	0.03 ± 0.00a	0.03 ± 0.00b	0.01 ± 0.00ab	0.01 ± 0.00ab	0.01 ± 0.00b
CF	0.04 ± 0.00a	0.03 ± 0.00ab	0.03 ± 0.00b	0.01 ± 0.00ab	0.01 ± 0.00ab	0.01 ± 0.00a
MA	0.04 ± 0.01a	0.03 ± 0.00ab	0.04 ± 0.00a	0.01 ± 0.00ab	0.01 ± 0.00b	0.01 ± 0.00ab
BT	0.03 ± 0.00a	0.02 ± 0.00b	0.02 ± 0.00b	0.02 ± 0.00a	0.01 ± 0.00a	0.01 ± 0.00b

在属水平上,选取各处理土壤前 10 个相对丰度较高菌属。由表 4 可知,MF、MA 处理与 CK 相比,

变形菌门 *MNDI* 菌属的相对丰度显著提高;各处理与 CK 相比,均显著提高了 *Dongia* 属的相对丰度。

表 4 不同处理对土壤细菌属水平主要菌群相对丰度的影响

处理	相对丰度(%)				
	酸杆菌门 <i>RB41</i> 菌属	酸杆菌门未分类菌属 (norank_f_Vicinamibacteraceae)	酸杆菌门未分类菌属 (norank_o_Vicinamibacterales)	鞘氨醇单胞菌属 (<i>Sphingomonas</i>)	芽孢杆菌属 (<i>Bacillus</i>)
CK	0.05 ± 0.01a	0.04 ± 0.01a	0.04 ± 0.01a	0.03 ± 0.01a	0.03 ± 0.01a
MF	0.05 ± 0.02a	0.05 ± 0.04a	0.04 ± 0.02a	0.03 ± 0.01a	0.03 ± 0.01a
CF	0.08 ± 0.01a	0.04 ± 0.01a	0.04 ± 0.02a	0.03 ± 0.02a	0.02 ± 0.01b
MA	0.06 ± 0.03a	0.04 ± 0.02a	0.03 ± 0.01a	0.03 ± 0.01a	0.03 ± 0.01a
BT	0.09 ± 0.02a	0.07 ± 0.01a	0.06 ± 0.01a	0.03 ± 0.00a	0.02 ± 0.00b

处理	相对丰度(%)				
	芽单胞菌门未分类菌属 (norank_f_Gemmatimonadaceae)	未分类菌属 (norank_f_JG30 - KF - CM45)	变形菌门 <i>MNDI</i> 菌属	<i>Dongia</i>	未分类菌属 (norank_o_norank_c_KD4 - 96)
CK	0.02 ± 0.00a	0.02 ± 0.00a	0.01 ± 0.00b	0.01 ± 0.00c	0.02 ± 0.00a
MF	0.02 ± 0.04a	0.02 ± 0.00a	0.03 ± 0.01a	0.02 ± 0.00b	0.01 ± 0.00a
CF	0.02 ± 0.00a	0.02 ± 0.00a	0.02 ± 0.00ab	0.02 ± 0.00b	0.02 ± 0.00a
MA	0.03 ± 0.00a	0.02 ± 0.00a	0.03 ± 0.00a	0.03 ± 0.00a	0.02 ± 0.00a
BT	0.02 ± 0.00a	0.02 ± 0.00a	0.02 ± 0.00ab	0.02 ± 0.00b	0.02 ± 0.00a

由表 5 可知,在门水平上对土壤真菌群落分析发现,MF 和 CF 处理均显著提高了担子菌门的相对丰度;MF、CF 处理与 CK 相比显著提高了未知真菌门的相对丰度;各处理间子囊菌门、被孢霉门和壶

菌门的相对丰度差异不显著。

由表 6 可知,各处理均显著降低了腐质霉属的相对丰度;与 CK 相比,MF 处理显著降低了嗜热毁丝霉属的相对丰度,显著提高了锥盖伞属的相对丰

表 5 不同处理对土壤真菌门水平主要菌群相对丰度的影响

处理	相对丰度(%)				
	子囊菌门 (Ascomycota)	被孢霉门 (Mortierellomycota)	担子菌门 (Basidiomycota)	未知真菌门 (unclassified_k_Fungi)	壶菌门 (Chytridiomycota)
CK	0.63 ± 0.06a	0.31 ± 0.05a	0.01 ± 0.00b	0.03 ± 0.01b	0.02 ± 0.01a
MF	0.55 ± 0.07a	0.26 ± 0.01a	0.13 ± 0.06a	0.05 ± 0.02ab	0.02 ± 0.00a
CF	0.60 ± 0.03a	0.22 ± 0.05a	0.09 ± 0.03a	0.05 ± 0.00a	0.02 ± 0.00a
MA	0.63 ± 0.08a	0.28 ± 0.07a	0.03 ± 0.00b	0.03 ± 0.00ab	0.04 ± 0.00a
BT	0.67 ± 0.03a	0.24 ± 0.03a	0.02 ± 0.01b	0.03 ± 0.00ab	0.03 ± 0.01a

表 6 不同处理对土壤真菌属水平主要菌群相对丰度的影响

处理	相对丰度(%)				
	被孢霉属 (Mortierella)	腐质霉属 (Humicola)	嗜热毁丝霉属 (Myceliophthora)	Remersonia	曲霉属 (Aspergillus)
CK	0.31 ± 0.05a	0.14 ± 0.03a	0.11 ± 0.03ab	0.08 ± 0.02a	0.05 ± 0.01b
MF	0.26 ± 0.01a	0.08 ± 0.02b	0.05 ± 0.01c	0.08 ± 0.01a	0.06 ± 0.01b
CF	0.22 ± 0.04a	0.06 ± 0.01b	0.06 ± 0.02bc	0.05 ± 0.01b	0.05 ± 0.00b
MA	0.27 ± 0.07a	0.07 ± 0.02b	0.08 ± 0.03abc	0.06 ± 0.03b	0.08 ± 0.01ab
BT	0.24 ± 0.03a	0.09 ± 0.03b	0.13 ± 0.02a	0.07 ± 0.01ab	0.10 ± 0.02a

处理	相对丰度(%)				
	未知真菌属 (unclassified_k_Fungi)	丝壳属 (Kernia)	未分类毛壳菌科 (unclassified_f_Chaetomiaceae)	锥盖伞属 (Conocybe)	新赤壳属 (Neocosmospora)
CK	0.03 ± 0.01b	0.02 ± 0.01a	0.03 ± 0.01ab	0.01 ± 0.00b	0.04 ± 0.00a
MF	0.05 ± 0.02a	0.01 ± 0.00a	0.03 ± 0.01ab	0.093 ± 0.05a	0.04 ± 0.02a
CF	0.05 ± 0.03a	0.01 ± 0.00a	0.03 ± 0.01ab	0.04 ± 0.00b	0.02 ± 0.00b
MA	0.03 ± 0.01b	0.12 ± 0.20a	0.02 ± 0.01b	0.01 ± 0.00b	0.03 ± 0.00ab
BT	0.04 ± 0.00ab	0.01 ± 0.00a	0.05 ± 0.02a	0.01 ± 0.00b	0.03 ± 0.00ab

度。BT 处理的曲霉属相对丰度较 CK 显著提高。

2.5 不同处理对土壤细菌和真菌群落层级聚类分析

如图 2 所示,土壤细菌群落门水平上,BT 和 MF、MA 和 CF 分别在 1 个分枝,CK 单独在 1 个分

枝上。说明与 CK 相比,各处理改变了土壤细菌群落结构。土壤真菌门水平上,BT、CK 和 MA 聚合在一起,MF 和 CF 聚合在另一个分枝上,说明各处理对土壤真菌群落结构有一定的影响。

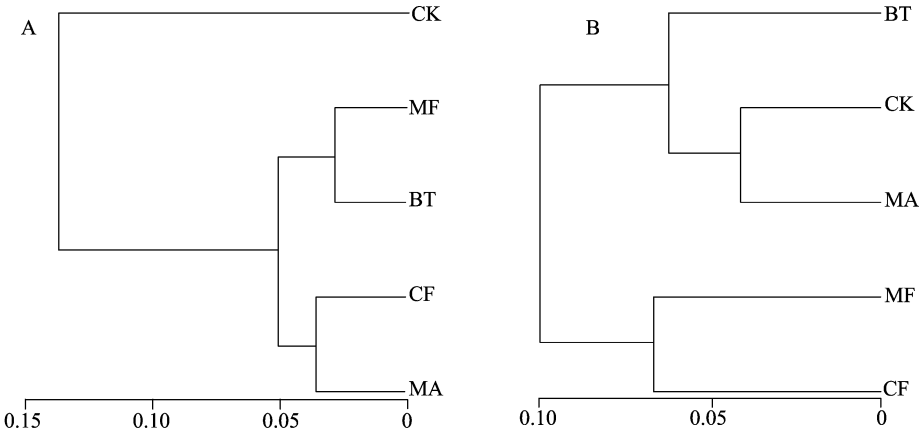
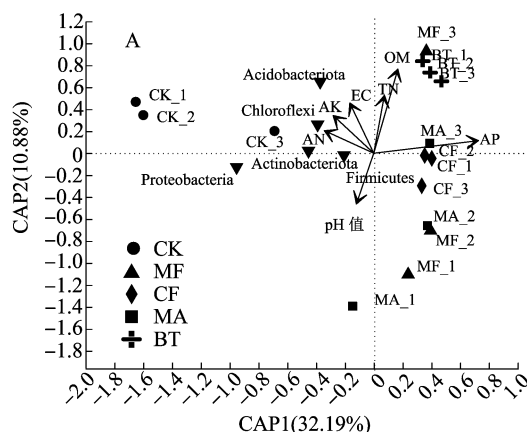


图2 土壤细菌群落(A)和真菌群落(B)门水平的层级聚类分析

2.6 不同处理的土壤细菌和真菌群落结构对土壤化学性质的响应

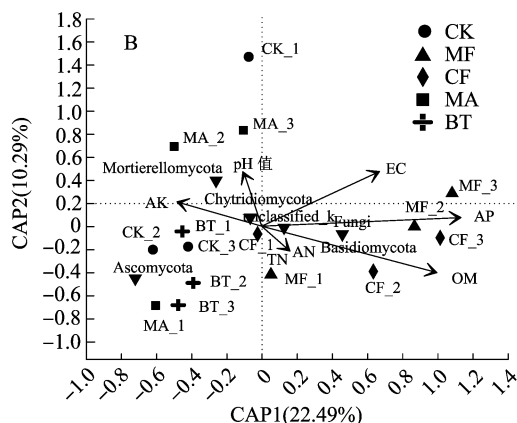
如图 3 所示,通过冗余分析发现,影响程度排名前 2 位的土壤环境因子依次为有机质和速效磷含量。



OM—有机质含量; TN—全氮含量; AN—碱解氮含量; AP—速效磷含量; AK—速效钾含量

图3 土壤细菌(A)、真菌(B)门水平相对丰度与环境的冗余分析

细菌群落中 AN 含量与 AK、OM、TN 含量和 EC 值呈正相关,pH 值与 OM 含量呈负相关。真菌群落中 AK 含量与 pH 值呈正相关,EC 值与 AP、OM 含量呈正相关,AP 含量和 OM 含量呈正相关。



3 讨论

已有研究表明微生物肥料和生物炭对连作土壤具有明显的改良作用。微生物肥料是通过其自身携带的多种有益微生物将土壤中的营养元素转化为可以被植株吸收利用的形式来促进养分吸收^[14-15],本试验结果与之相似。微生物菌肥配施有机肥施入土壤后,明显提高了速效钾含量,显著提高了有机质和碱解氮含量。研究发现生物炭施入土壤后能提高有机质含量,改善土壤的速效养分含量^[16-17]。本试验中生物炭和木霉菌配施有机肥处理提高了土壤 pH 值、有机质和速效钾含量,降低了土壤 EC 值。

不同施肥处理会引起土壤化学环境的改变,从而影响微生物物种的多样性^[18]。Ding 等研究表明,施入有机肥能改善土壤的生物多样性^[19]。本试验发现,各处理细菌群落多样性与对照相比差异明显,这可能与施肥时间、施入量有关。本试验中有有机肥和微生物菌肥、高碳堆肥、微生物菌剂、生物炭、木霉菌等的施入时间较短,因此对土壤细菌群落的生物多样性产生的影响较小^[20]。

本试验发现,土壤细菌群落在门水平上的主要优势菌群有变形菌门、酸杆菌门、绿弯菌门和放线菌门,这些菌群在其他植物连作土壤研究中也认为优势种群^[21-22]。已有研究表明,酸杆菌门可以产生多种代谢物,分解难降解物质,从而促进生态

系统的稳定^[23-25]。在本试验中微生物菌肥配施有机肥、生物炭和木霉菌配施有机肥处理的土壤变形菌门和酸杆菌门的相对丰度较高,说明微生物菌肥和生物炭施入土壤后加速了土壤中物质的分解和代谢,提高了土壤的有机质含量,增加了作物抗病能力,促进了作物生长。放线菌门是有机质矿化的主要微生物,能在营养较低或有难降解碳的土壤中生长,促进土壤中动植物残体分解^[26-28]。在本试验中生物炭和木霉菌配施有机肥处理较对照相比,显著降低了放线菌门的相对丰度,说明生物炭和木霉菌施入土壤提高了土壤养分含量增加,从而抑制了放线菌门细菌的生长。

本试验发现真菌群落门水平土壤中相对丰度最高的是子囊菌门,子囊菌门是最大的病原菌构成群体,黄瓜连作土壤中子囊菌门丰度的增加极有可能与黄瓜病害的发生有关,是黄瓜连作障碍发生的原因之一^[29]。在本试验中,微生物菌肥配施有机肥(MF)处理降低了子囊菌门真菌的相对丰度,从而降低了黄瓜病害的发生。多数研究表明有机质、全氮、速效磷含量和 pH 值是驱动温室黄瓜连作土壤细菌和真菌群落结构变化的环境因子^[30-31],本试验发现在细菌群落和真菌群落在所选环境因子中,有机质含量的解释度最高,其次是速效磷含量。

4 结论

微生物菌肥配施有机肥处理提高了土壤 pH

值、EC 值、有机质、全氮、碱解氮和速效钾含量;生物炭和木霉菌配施有机肥处理提高了土壤 pH 值、有机质和速效钾含量,降低了土壤 EC 值。土壤细菌群落门水平下,微生物菌肥配施有机肥处理提高了变形菌门的相对丰度;生物炭和木霉菌配施有机肥处理提高了酸杆菌门的相对丰度,显著降低了放线菌门的相对丰度。土壤真菌门水平下微生物菌肥配施有机肥处理降低了子囊菌门的相对丰度。由于不同处理对土壤化学性质的改良和土壤微生物环境条件的改善,从而促进黄瓜产量的提高。通过冗余分析,本试验发现有机质和速效磷含量是影响温室黄瓜连作土壤微生物群落结构变化的主要环境因子。综合分析认为,微生物菌肥配施有机肥和生物炭、木霉菌配施有机肥处理更有利于改善土壤化学性质和土壤微生物环境,促进黄瓜的生长和产量的提高。

参考文献:

- [1] 熊晶毅,索升州,姚 丹,等. 微生物肥料研究进展及其在农业生产中的应用[J]. 安徽农业科学,2019,47(11):13-17.
- [2] 田 伟,刘 伟,宋伊真,等. 复合微生物肥料对设施生菜生长发育及土壤特性的影响[J]. 青岛农业大学学报(自然科学版),2019,36(4):260-266.
- [3] 薛盼盼,管琳菲,樊 琳. 发酵残渣接种功能微生物菌剂对黄瓜产量和品质的影响[J]. 安徽农业科学,2015,43(9):79-82.
- [4] 张丽娜,塔秀成,黄 伟,等. 微生物菌肥对萝卜土壤微生物及酶活性的影响[J]. 江苏农业科学,2018,46(15):93-96.
- [5] 张玉博,庄文颖. 对峙培养条件下木霉拮抗植物病原真菌能力的评价(英文)[J]. 菌物学报,2017,36(9):1251-1259.
- [6] 廉 华,马光恕,李 梅,等. 棘孢木霉菌剂对黄瓜生理特性及产质量的影响[J]. 中国农业大学学报,2021,26(6):42-52.
- [7] 马光恕,梁 泉,李 梅,等. 木霉菌对黄瓜生理特性及立枯病防治效果的影响[J]. 中国生物防治学报,2021,37(2):277-285.
- [8] 卜晓莉,薛建辉. 生物炭对土壤生境及植物生长影响的研究进展[J]. 生态环境学报,2014,23(3):535-540.
- [9] 石晓宇,张 婷,贾 浩,等. 生物炭对设施土壤化学性质及黄瓜产量品质的影响[J]. 农学报,2019,9(4):59-65.
- [10] 王彩云,武春成,曹 霞,等. 生物炭对温室黄瓜不同连作年限土壤养分和微生物群落多样性的影响[J]. 应用生态学报,2019,30(4):1359-1366.
- [11] 涂玉婷,黄继川,彭智平,等. 生物炭对酚酸胁迫下番茄生长和土壤微生态的影响[J]. 广东农业科学,2021,48(1):94-103.
- [12] 鲁如坤. 土壤农业化学分析方法[M]. 北京:中国农业科技出版社,2000:146-195.
- [13] 严昶升. 土壤肥力研究方法[M]. 北京:农业出版社,1988:344-388.
- [14] 张 蕾,吴文强,王维瑞,等. 土壤调理剂及其配施微生物菌肥对设施菜田次生盐渍化土壤改良效果研究[J]. 中国土壤与肥料,2021(3):264-271.
- [15] 尤 露. 微生物肥料对土壤的改良及在农作物生产中的运用研究[J]. 甘肃农业,2021(7):89-90.
- [16] 王雪玉,刘金泉,胡 云,等. 生物炭对黄瓜根际土壤细菌丰度、速效养分含量及酶活性的影响[J]. 核农学报,2018,32(2):370-376.
- [17] 王 娟,黄成真. 生物炭对土壤改良效果的研究进展[J]. 水资源与水工程学报,2020,31(3):246-253.
- [18] 赵 颖,周 枫,罗佳琳,等. 稻秸还田下不同施肥管理措施对土壤养分、冬小麦产量和氮肥利用率的影响[J]. 江苏农业学报,2021,37(5):1167-1174.
- [19] Ding J L, Jiang X, Ma M C, et al. Effect of 35 years inorganic fertilizer and manure amendment on structure of bacterial and archaeal communities in black soil of northeast China[J]. Applied Soil Ecology,2016,105:187-195.
- [20] 刘 雷. 微生物肥料对玉米根际土壤微环境的影响[D]. 太原:山西大学,2019:15-31.
- [21] 陈梅春,朱育菁,刘 波,等. 基于宏基因组茉莉花植株土壤细菌多样性研究[J]. 农业生物技术学报,2018,26(9):1480-1493.
- [22] 姜 伟,白红梅,薛国萍,等. 基于高通量测序的设施连作果类菜根际土壤细菌群落结构和多样性分析[J]. 华北农学报,2021,36(4):82-89.
- [23] Ventura M, Canchaya C, Tauch A, et al. Genomics of *Actinobacteria*: tracing the evolutionary history of an ancient Phylum[J]. Microbiology and Molecular Biology Reviews,2007,71(3):495-548.
- [24] Sul W J, Asuming - Brempong S, Wang Q, et al. Tropical agricultural land management influences on soil microbial communities through its effect on soil organic carbon[J]. Soil Biology and Biochemistry,2013,65:33-38.
- [25] 程 扬,刘子丹,沈启斌,等. 秸秆生物炭施用对玉米根际和非根际土壤微生物群落结构的影响[J]. 生态环境学报,2018,27(10):1870-1877.
- [26] 洪艳华. 长期耕作对黑土理化性质及微生物群落结构的影响[D]. 大庆:黑龙江八一农垦大学,2021:77-88.
- [27] Kanokratana P, Uengwetwanit T, Rattanachomsri U, et al. Insights into the phylogeny and metabolic potential of a primary tropical peat swamp forest microbial community by metagenomic analysis[J]. Microbial Ecology,2011,61(3):518-528.
- [28] 刘珊廷. 木薯连作与轮作对土壤理化性状及微生物群落和产量的影响[D]. 南宁:广西大学,2020:59-61.
- [29] 邓玉清. 轮作对番茄连作土壤微生物群落结构、酶活性及养分的影响[D]. 海口:海南大学,2018:25-31.
- [30] Huang Z Q, Wan X H, He Z M, et al. Soil microbial biomass, community composition and soil nitrogen cycling in relation to tree species in subtropical China[J]. Soil Biology and Biochemistry,2013,62:68-75.
- [31] 李玉娇,刘 星,吴大付,等. 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.