

决 超. 微生物菌肥与土壤改良基质对连作马铃薯土壤性质及微生物群落的影响[J]. 江苏农业科学, 2023, 51(1): 218–224.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2023.01.032

微生物菌肥与土壤改良基质对连作马铃薯土壤性质及微生物群落的影响

决 超

(商丘职业技术学院, 河南商丘 476000)

摘要:为探讨微生物菌肥与土壤改良基质对连作马铃薯土壤性质及微生物群落的影响以及它们之间的关联性,通过田间定位试验,设置单施化肥(CK)、单施微生物菌肥(T1)、化肥+土壤改良基质(T2)、微生物菌肥+土壤改良基质(T3)、50%化肥+50%微生物菌肥(T4)、50%化肥+50%微生物菌肥+土壤改良基质(T5)6个处理,利用磷脂脂肪酸、生理生化分析手段研究不同施肥措施对土壤结构、养分、酶活性与微生物群落结构变化的影响。研究表明,与CK相比,不同施肥处理降低了土壤容重,提高了土壤孔隙度,且提高了土壤养分含量、酶活性,改变了土壤微生物结构。其中,T3处理的土壤容重最低,孔隙度最高。连续2年不同施肥处理后,T5处理土壤碱解氮含量较其他处理显著提高3.19%~9.28% ($P < 0.05$),速效磷、速效钾、有机质的含量较其他处理分别提高2.68%~14.76%、2.25%~17.81%、1.02%~9.04%,显著高于除T4处理外的其他处理;T5处理脲酶、碱性磷酸酶、过氧化氢酶、蔗糖酶的活性较其他处理分别提高8.77%~37.78%、9.88%~161.76%、20.83%~81.25%、9.30%~118.60%;T5处理的细菌、革兰氏阴性菌生物量以及细菌生物量/真菌生物量最高,真菌生物量最低,T3处理放线菌生物量最高,但与T5处理无显著性差异。相关性分析表明,土壤各因子水平联系紧密,土壤微生物群落、酶活性受外源养分因素的影响较大。综上所述,50%化肥+50%微生物菌肥+土壤改良基质配施处理在改善土壤结构及微生态环境、提高土壤养分含量及酶活性方面表现最优。

关键词:施肥;马铃薯;连作;理化性质;酶活性;微生物

中图分类号:S154.2;S154.3;S532.06 **文献标志码:**A **文章编号:**1002-1302(2023)01-0218-07

马铃薯是我国重要的粮食与蔬菜作物,因营养丰富、产量高、适应性强等特点被人们所喜爱^[1-3]。近年来随着人们对马铃薯产品需求量的增加,马铃薯种植面积逐年递增,不少地区受自然因素及耕地

面积的限制,常年连作种植马铃薯,造成马铃薯产量下降、品质降低、病虫害频发、土壤根际微生物环境发生改变等诸多连作障碍问题^[4-7]。为此,不少种植户选择大量施用化肥,而乱施、滥施化肥不仅会使化肥利用率降低^[8],增产报酬率显著下降^[9],还会导致土壤结构退化^[10]、有机质含量下降以及土壤肥力降低等问题^[11]。而宋震震等的研究表明,合理的施肥措施不仅能够提高作物产量,还能够有效改善土壤生物学以及微生物活性,提高土壤物理与化学性质^[12-14]。

收稿日期:2022-04-15

基金项目:高职高专国家级示范专业基金项目;河南省科技攻关项目(编号:182102110371)。

作者简介:决 超(1981—),男,河南周口人,硕士,讲师,主要从事园艺专业教学、微生物科研及技术服务工作。E-mail: juechao2000@126.com。

[28] 庞国成. 葡萄在设施栽培中的肥水需求特性与高效利用技术研究[D]. 北京:中国农业科学院,2019.

[29] 王小龙,张正文,钟晓敏,等. 不同组织和土壤矿质营养与美乐葡萄果实品质的多元分析[J]. 果树学报,2021,38(12): 2108–2118.

[30] 范元广. 辽西地区‘富士’苹果叶矿质元素含量适宜值及叶营养诊断初步研究[D]. 北京:中国农业科学院,2014.

[31] da Silva L C, Freire F J, Filho G M, et al. Nutrient balance in sugarcane in Brazil: diagnosis, use and application in modern

agriculture[J]. Journal of Plant Nutrition, 2021, 44(14): 2167–2189.

[32] Rozane D E, Vahl de Paula B, Wellington Bastos de Melo G, et al. Compositional nutrient diagnosis (CND) applied to grapevines grown in subtropical climate region[J]. Horticulturae, 2020, 6(3): 56.

[33] 尹 兴,吉艳芝,倪玉雪,等. 河北省葡萄主产区土壤养分丰缺状况[J]. 中国农业科学,2013,46(10): 2067–2075.

[34] 张小卓,史 静,张乃明,等. 云南主要葡萄种植区土壤肥力特征与评价[J]. 土壤,2014,46(1): 184–187.

微生物菌肥是添加有效微生物菌用于改善土壤微生态环境的功能性肥料^[15]。研究表明,微生物菌肥具有保护土壤结构、增加土壤肥力、增强作物抗逆性作用,长期施用同时具有培肥地力、提高肥料利用率的效果^[16-17]。土壤改良基质是通过集中腐熟且富含有机质的功能性肥料,不仅能够提高土壤的透气性,增强土壤蓄水能力,还能够提高土壤有机质含量以及生物学特性^[18]。目前,微生物菌肥广泛应用于黄瓜^[19]、番茄^[20]、白菜^[21]等设施蔬菜,在马铃薯方面的应用并不多,且微生物菌肥的施用受环境限制较大,在不同土壤类型、肥力及微生物区系下的效果差异较大^[22]。因此,本研究针对黄淮海地区马铃薯连作障碍问题,开展微生物菌肥配施化肥和土壤改良基质对土壤物理、化学、生物学性质以及微生物变化影响的研究,找到合理的施肥模式,旨在为黄淮海地区马铃薯连作地块施肥的合理选择提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 试验区概况

试验于 2020—2021 年在河南省商丘职业技术学院试验示范基地附近农户(116°15'E,39°28'N,海拔 53 m)进行。该地区属暖温带半湿润季风气候区,年平均气温 14.2℃,年降水量 650 mm,降雨主要集中在 6—9 月,全年平均日照时长 2 200 h,无霜期为 212 d。前茬作物为马铃薯,供试土壤为二合土,基础土壤理化性状(0~30 cm 土层):碱解氮含量 49.65 mg/kg、速效磷含量 57.21 mg/kg、有机质含量 8.42 g/kg、速效钾含量 109.37 mg/kg、pH 值 8.09。试验地块前 3 年均种植马铃薯。

1.2 供试材料

供试马铃薯:中薯 5 号脱毒种薯。

供试肥料:复合肥(N、P₂O₅、K₂O 含量分别为 5%、10%、15%)、微生物菌肥(有效活菌数≥1.0 亿 CFU/g,N 含量 12.26%、P₂O₅ 含量 4.39%、K₂O 含量 8.26%、有机质含量 25.32%)、土壤改良基质(由牛粪、蘑菇料和秸秆腐熟而成,N 含量 2.35%、P₂O₅ 含量 1.46%、K₂O 含量 2.31%、有机质含量 22.19%)。

1.3 试验设计

试验设计 6 个处理,分别为单施化肥(CK)、单施微生物菌肥(T1)、化肥+土壤改良基质(T2)、微生物菌肥+土壤改良基质(T3)、50%化肥+50%微

生物菌肥(T4)、50%化肥+50%微生物菌肥+土壤改良基质(T5),每个处理 3 次重复。按照随机区组方法排列布置,小区面积 40 m²。单施化肥用量 750 kg/hm²,单施微生物菌肥用量 1 500 kg/hm²,土壤改良基质 15 000 kg/hm²,在整地前均作为基肥一次性施入。马铃薯 1 年 2 季,生育期分别为 4 月 1 日至 6 月 10 日、9 月 1 日至 11 月 10 日,连续种植 4 季作物。田间施药、灌水等管理措施均与当地农民习惯一致。

1.4 样品采集

分别于 2020 年和 2021 年秋季马铃薯收获前 1 周进行土壤样品采集。利用“S”形土钻采用 5 点取样法分别采集 0~30 cm 土样。带回实验室后,剔除土样中的碎石、根系等杂物,过 2 mm 孔径筛,一部分自然风干,用于土壤化学指标的测定,一部分保存在 -20℃ 冰箱,用于土壤酶活性和微生物生物量测定。另外每小区采集 3 个环刀土壤样品,用于土壤容重及孔隙度的测定。

1.5 测试项目与方法

土壤容重、孔隙度采用环刀法^[23]测定;土壤理化性状参照鲍士旦的方法^[24]测定,其中土壤碱解氮含量采用碱解扩散法测定,速效磷含量采用 0.5 mol/L NaHCO₃ 浸提-钼锑抗比色法测定,速效钾含量采用 NH₄OAc 浸提-火焰光度法测定,有机质含量采用 K₂Cr₂O₇-外加加热法测定,pH 值采用水土比(1:5)法测定。

土壤酶活性参照关松荫的方法^[25]测定。其中,土壤脲酶活性采用苯酚钠-次氯酸钠比色法测定,碱性磷酸酶采用磷酸苯二钠比色法测定,过氧化氢酶采用高锰酸钾滴定法测定,蔗糖酶采用 3,5-二硝基水杨酸比色法测定。

土壤微生物群落结构采用磷脂脂肪酸法^[26]测定。按照陈坤等的提取步骤^[27],将待测液通过 MIDI 公司 MIS 系统鉴定,分析结果中 14:0、15:0、16:0 iso、16:1ω7c、17:0 iso、17:1 iso ω9c、16:1ω9c、17:0 cycle ω7c、17:1ω8c、18:1ω7c、19:0 cycle ω7c 通常用来表征细菌生物量,16:1 ω5c、18:1、18:2、18:3 用来表征真菌生物量,16:0、17:0、17:1、18:0 用来表征放线菌生物量。

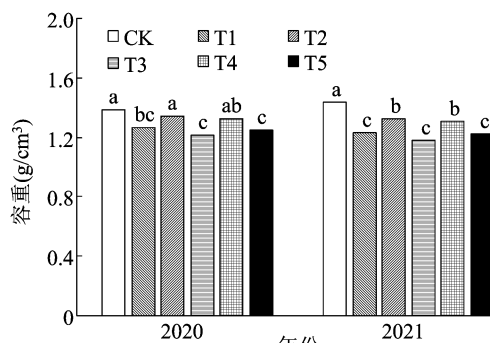
1.6 数据处理

采用 WPS Excel 软件进行数据整理与计算,采用 SPSS 17.0 软件进行方差分析与相关性比较,采用 canoco 5.0 软件进行多元分析。

2 结果与分析

2.1 不同施肥处理对土壤容重及孔隙度的影响

由图 1 可知,不同施肥条件下土壤容重及孔隙度表现出不同的变化。2020 年 CK 的土壤容重最大,较 T1、T3、T5 处理分别显著提高 9.45%、14.88%、11.20% ($P < 0.05$),与 T2、T4 处理差异均不显著;T3 处理土壤容重最小,显著低于 CK、T2、T4 处理,但与 T1、T5 处理差异均不显著。而连续 2 年不同施肥处理后,2021 年时,除 CK 的土壤容重较 2020 年提高 2.88% 外,其他施肥处理土壤容重均有不同程度的下降。其中,T1、T3、T5 处理显著低于

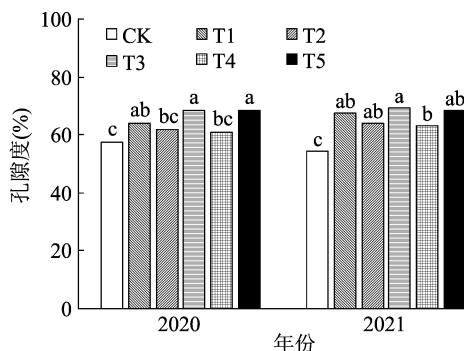


柱上标有不同小写字母表示处理间差异显著($P < 0.05$)

图1 不同施肥处理土壤容重及孔隙度的变化

T2、T4 处理,而 T1、T3、T5 处理间的土壤容重差异均不显著。

2020 年,T3、T5 处理的土壤孔隙度相同,均为最大值,较 CK、T2、T4 处理分别显著提高 19.30%、9.68%、11.48%,与 T1 处理差异不显著。连续 2 年不同施肥处理后,2021 年时,除 CK 的土壤孔隙度较 2020 年降低 5.26% 外,其他施肥处理的土壤孔隙度均不同程度地上升或持平。其中,CK 的土壤孔隙度显著低于其他处理,而 T3 处理的土壤孔隙度最大,较 T4 处理显著提高 9.52%,与 T1、T2、T5 处理间差异均不显著(图 1)。



2.2 不同施肥处理对土壤理化性状的影响

由表 1 可知,不同施肥处理条件下土壤养分含量变化较大。2020 年,T5 处理的土壤碱解氮、速效磷、速效钾、有机质的含量均最高,其中碱解氮含量较 T1 处理显著提高 9.23%,与其他处理均差异不显著;T5 处理的速效磷含量较 CK、T1、T3 处理分别显著提高 4.72%、9.04%、5.23%,与 T2、T4 处理差异均不显著;T5 处理的速效钾含量较其他处理显著提高 4.58% ~ 18.74%;T5 处理有机质含量较其他处理提高 0.46% ~ 6.46%,除与 T4 处理无显著性差异外,较其他处理均显著提高。CK 的 pH 值最大,较 T1、T5 处理显著提高 0.50%、0.37%,与其他处理差异均不显著,T1 至 T5 处理间 pH 值差异也均不显著。

连续 2 年不同施肥处理后,2021 年土壤各养分含量及 pH 值较 2020 年均有一定程度的变化。其中,T5 处理的土壤碱解氮、速效磷、速效钾、有机质的含量仍然最高,碱解氮含量较其他处理显著提高 3.19% ~ 9.28%;T5 处理的速效磷、速效钾、有机质的含量较其他处理分别提高 2.68% ~ 14.76%、2.25% ~ 17.81%、1.02% ~ 9.04%,显著高于除 T4 处

理外的其他处理。CK 的 pH 值最高,较最低的 T1 处理显著提高 0.74%,其他处理间差异均不显著(表 1)。

2.3 不同施肥处理对土壤生物学特性的影响

由表 2 可知,不同施肥措施对土壤生物学特性表现出不同的影响。2020 年,T5 处理脲酶、碱性磷酸酶、过氧化氢酶、蔗糖酶的活性均最高,其中脲酶活性较 CK 显著提高 17.54%,与其他处理相比差异均不显著,其他处理间也差异均不显著;T5 处理的碱性磷酸酶活性较其他处理提高 7.35% ~ 78.05%,显著高于除 T4 处理外的其他处理;过氧化氢酶活性较其他处理提高 7.69% ~ 50.00%,显著高于 CK、T1、T2 处理;T5 处理的蔗糖酶活性较其他处理提高 15.07% ~ 61.54%,显著高于 CK、T2 处理。CK 的脲酶、碱性磷酸酶、过氧化氢酶、蔗糖酶的活性均最低。

2021 年,T5 处理的脲酶、碱性磷酸酶、过氧化氢酶、蔗糖酶活性变化趋势与 2020 年相同,均为所有施肥处理的最高值,较其他处理分别提高 8.77% ~ 37.78%、9.88% ~ 161.76%、20.83% ~ 81.25%、9.30% ~ 118.60%。CK 的脲酶、碱性磷酸酶、过氧

表 1 不同施肥处理土壤理化性状的变化

年份	处理	碱解氮含量 (mg/kg)	速效磷含量 (mg/kg)	速效钾含量 (mg/kg)	有机质含量 (g/kg)	pH 值
2020 年	CK	51.60 ± 2.02a	62.30 ± 1.34bc	114.25 ± 2.06c	8.27 ± 0.06e	8.12 ± 0.01a
	T1	48.77 ± 1.41b	59.83 ± 1.31c	106.44 ± 2.23d	8.53 ± 0.09cd	8.08 ± 0.01b
	T2	52.55 ± 0.78a	63.25 ± 2.19ab	117.08 ± 2.20bc	8.41 ± 0.08de	8.10 ± 0.02ab
	T3	50.64 ± 1.52ab	62.00 ± 0.34bc	109.24 ± 2.77d	8.62 ± 0.07bc	8.11 ± 0.02ab
	T4	52.63 ± 0.91a	63.05 ± 1.29ab	120.85 ± 3.52b	8.73 ± 0.08ab	8.10 ± 0.02ab
	T5	53.27 ± 1.05a	65.24 ± 0.85a	126.39 ± 2.88a	8.77 ± 0.06a	8.09 ± 0.01b
2021 年	CK	50.34 ± 0.69c	60.51 ± .71c	99.71 ± 4.11d	8.19 ± 0.04d	8.13 ± 0.02a
	T1	50.85 ± 0.82c	59.49 ± 1.26c	104.84 ± 4.20cd	8.51 ± 0.13c	8.07 ± 0.02b
	T2	50.84 ± 0.53c	62.93 ± 0.58b	103.31 ± 2.13d	8.31 ± 0.10d	8.11 ± 0.02ab
	T3	52.75 ± 0.78b	63.01 ± 1.22b	109.89 ± 3.22bc	8.70 ± 0.12b	8.10 ± 0.02ab
	T4	53.31 ± 0.57b	66.49 ± 1.32a	114.88 ± 5.01ab	8.84 ± 0.09ab	8.11 ± 0.02ab
	T5	55.01 ± 0.51a	68.27 ± 1.52a	117.47 ± 4.67a	8.93 ± 0.09a	8.10 ± 0.02ab

注:同列数据后标有不同小写字母表示处理间差异显著。下表同。

表 2 不同施肥处理土壤酶活性的变化

年份	处理	脲酶活性 [mg/(g·h)]	碱性磷酸酶活性 [mg/(g·h)]	过氧化氢酶活性 [mL/(g·h)]	蔗糖酶活性 [mg/(g·h)]
2020 年	CK	1.14 ± 0.08b	0.41 ± 0.16c	0.28 ± 0.06c	0.52 ± 0.06b
	T1	1.23 ± 0.14ab	0.50 ± 0.15bc	0.33 ± 0.01bc	0.66 ± 0.08ab
	T2	1.21 ± 0.04ab	0.46 ± 0.04c	0.31 ± 0.06c	0.56 ± 0.12b
	T3	1.26 ± 0.09ab	0.53 ± 0.09bc	0.39 ± 0.06ab	0.73 ± 0.07ab
	T4	1.26 ± 0.05ab	0.68 ± 0.09ab	0.39 ± 0.03ab	0.71 ± 0.31ab
	T5	1.34 ± 0.03a	0.73 ± 0.12a	0.42 ± 0.04a	0.84 ± 0.09a
2021 年	CK	1.35 ± 0.09e	0.34 ± 0.03d	0.32 ± 0.06c	0.49 ± 0.09b
	T1	1.53 ± 0.08d	0.59 ± 0.07bc	0.43 ± 0.08bc	0.43 ± 0.06b
	T2	1.54 ± 0.07cd	0.49 ± 0.08c	0.39 ± 0.05bc	0.77 ± 0.21a
	T3	1.64 ± 0.05bc	0.66 ± 0.03b	0.48 ± 0.13ab	0.86 ± 0.08a
	T4	1.71 ± 0.03b	0.81 ± 0.05a	0.46 ± 0.04ab	0.85 ± 0.07a
	T5	1.86 ± 0.05a	0.89 ± 0.09a	0.58 ± 0.02a	0.94 ± 0.03a

化氢酶活性均为最低值,而 T1 处理的蔗糖酶活性最低,显著低于 T2、T3、T4、T5 处理,但与 CK 相比无显著性差异(表 2)。

2.4 不同施肥处理对土壤微生物群落结构的影响

由表 3 可知,2020 年,T5 处理的细菌、革兰氏阴性菌生物量均最高,其中细菌生物量较其他处理提高 6.35%~40.57%,显著高于除 T3 处理外的其他处理;T5 处理的革兰氏阳性菌生物量显著高于 CK、T2、T4 处理,革兰氏阴性菌生物量显著高于 CK、T1、T2 处理,而 T1 处理的革兰氏阳性菌生物量/阴性菌生物量最高,较其他处理显著提高 5.97%~31.78%。CK 的真菌生物量最高,显著高于其他施肥处理,T5 处理的真菌生物量最低。T5 处理的细菌生物量/真菌生物量最高,较其他处理分别提高

11.58%~90.99%,显著高于除 T3 处理外的其他施肥处理。T3 处理的放线菌生物量最高,较 CK 显著提高 22.71%,与其他处理相比差异均不显著。

2021 年土壤微生物群落结构与 2020 年相比有所不同,其中 T2 处理革兰氏阳性菌生物量/阴性菌生物量最高,较 CK 显著提高 59.62%,与其他处理相比差异均不显著。而不同施肥处理的细菌、真菌、放线菌生物量及细菌生物量/真菌生物量变化趋势均与 2020 年相似。总的来看,T5 处理能够提高土壤细菌、革兰氏阳性菌、革兰氏阴性菌生物量,降低真菌生物量(表 3)。

2.5 土壤生物学特性与土壤环境因子的相关性分析

2021 年,土壤酶活性与土壤理化因子的相关性

表 3 不同施肥处理土壤微生物群落的变化

处理		细菌生物量 (nmol/g)	革兰氏阳性菌 生物量 (nmol/g)	革兰氏阴性菌 生物量 (nmol/g)	革兰氏阳性菌 生物量/阴性菌 生物量	真菌生物量 (nmol/g)	细菌生物量/ 真菌生物量	放线菌生物量 (nmol/g)
2020 年	CK	6.31 ± 0.93d	2.26 ± 0.29c	4.05 ± 0.64b	0.56 ± 0.03cd	5.71 ± 0.40a	1.11 ± 0.21e	6.56 ± 1.07b
	T1	7.51 ± 0.51bc	3.06 ± 0.36ab	4.45 ± 0.85b	0.71 ± 0.20a	4.52 ± 0.26bcd	1.66 ± 0.16bc	7.79 ± 0.27a
	T2	6.79 ± 0.40cd	2.67 ± 0.42bc	4.13 ± 0.70b	0.67 ± 0.21b	5.01 ± 0.16b	1.36 ± 0.12de	7.09 ± 0.13ab
	T3	8.34 ± 0.58ab	3.28 ± 0.20a	5.07 ± 0.57ab	0.65 ± 0.08b	4.40 ± 0.22cd	1.90 ± 0.13ab	8.05 ± 0.78a
	T4	7.79 ± 0.33bc	2.71 ± 0.12bc	5.08 ± 0.34ab	0.54 ± 0.05d	4.83 ± 0.39bc	1.62 ± 0.14cd	7.74 ± 0.47a
	T5	8.87 ± 0.20a	3.18 ± 0.12a	5.69 ± 0.22a	0.56 ± 0.04c	4.18 ± 0.17d	2.12 ± 0.05a	7.93 ± 0.33a
2021 年	CK	5.98 ± 0.34d	2.03 ± 0.09c	3.95 ± 0.44cd	0.52 ± 0.08b	6.24 ± 0.28a	0.96 ± 0.06f	6.62 ± 0.35c
	T1	8.01 ± 0.18d	3.19 ± 0.41ab	4.82 ± 0.41b	0.67 ± 0.15ab	4.22 ± 0.22cd	1.90 ± 0.14c	8.09 ± 0.11a
	T2	6.25 ± 0.24d	2.84 ± 0.20b	3.41 ± 0.09d	0.83 ± 0.06a	5.36 ± 0.29b	1.17 ± 0.06e	7.29 ± 0.18b
	T3	8.30 ± 0.17b	3.31 ± 0.47ab	4.99 ± 0.59ab	0.68 ± 0.18ab	3.87 ± 0.19d	2.14 ± 0.09b	8.46 ± 0.15a
	T4	7.39 ± 0.38c	3.11 ± 0.11ab	4.28 ± 0.43bc	0.73 ± 0.09ab	4.54 ± 0.35c	1.64 ± 0.15d	7.95 ± 0.71a
	T5	9.22 ± 0.64a	3.47 ± 0.37a	5.75 ± 0.66a	0.61 ± 0.10ab	3.82 ± 0.13d	2.41 ± 0.10a	8.30 ± 0.16a

分析(表 4)表明,脲酶活性与孔隙度、速效钾含量呈显著正相关,与碱解氮含量、速效磷含量、有机质含量呈极显著正相关($P < 0.01$);碱性磷酸酶活性与速效磷含量呈显著正相关,与碱解氮含量、速效钾含量、有机质含量呈极显著正相关,与容重呈显著负相关;过氧化氢酶活性与碱解氮含量、速效磷含

量、速效钾含量、有机质含量呈显著正相关,与容重呈显著负相关;蔗糖酶活性与碱解氮含量、速效磷含量、速效钾含量、有机质含量呈显著正相关。由此可知,不同施肥措施条件下土壤酶活性的变化与土壤理化性质有紧密相关的联系。

表 4 2021 年土壤酶活性与土壤理化因子的相关性

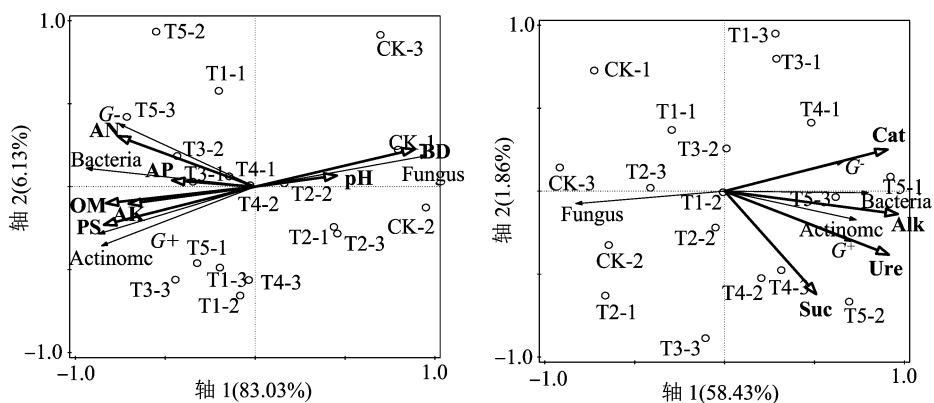
酶活性	相关系数						
	容重	孔隙度	碱解氮含量	速效磷含量	速效钾含量	有机质含量	pH 值
脲酶活性	-0.58	0.61 *	0.81 **	0.81 **	0.78 *	0.86 **	-0.21
碱性磷酸酶活性	-0.62 *	0.58	0.85 **	0.79 *	0.85 **	0.94 **	-0.22
过氧化氢酶活性	-0.65 *	0.53	0.68 *	0.60 *	0.64 *	0.71 *	-0.33
蔗糖酶活性	-0.35	0.42	0.67 *	0.79 *	0.68 *	0.61 *	0.08

注:“*”表示相关性达显著水平($P < 0.05$),“**”表示相关性达极显著水平($P < 0.01$)。

2.6 土壤微生物群落结构与土壤环境因子、生物学特性的多元分析

为进一步分析不同施肥措施条件下土壤微生物群落与土壤环境因子及生物学特性的相关性,2021 年进行土壤微生物群落结构与土壤理化因子、酶活性的 RDA 分析,结果(图 2)表明,排序轴 1、2 能够分别在累积变量 89.16%、60.29%上解释不同施肥措施条件下土壤微生物群落变化与土壤理化因子、酶活性的相关性。图 2 中各处理点较为分散,说明不同处理土壤微生物对土壤理化因子、酶活性产生不同的响应。细菌、放线菌、革兰氏阳性菌、革

兰氏阴性菌的生物量与孔隙度、碱解氮含量、速效磷含量、速效钾含量、有机质含量呈正相关,与容重、pH 值呈负相关;真菌的生物量正好相反,土壤容重(63.4%)是其主要驱动因子。而细菌、放线菌、革兰氏阳性菌、革兰氏阴性菌的生物量与脲酶、碱性磷酸酶、过氧化氢酶、蔗糖酶的活性均呈正相关,真菌的生物量与脲酶、碱性磷酸酶、过氧化氢酶、蔗糖酶的活性均呈负相关,其中碱性磷酸酶活性(54.3%)是其主要驱动因子。由此可见,不同施肥措施能够通过改变土壤理化因子、酶活性而改变土壤微生物群落结构。



BD、PS、AN、AP、AK、OM、pH 分别表示土壤容重、孔隙度、碱解氮含量、速效磷含量、速效钾含量、有机质含量、pH 值；Ure、Alk、Cat、Suc 分别表示土壤脲酶活性、碱性磷酸酶活性、过氧化氢酶活性、蔗糖酶活性；Bacteria、Fungus、Actinomycetes、G⁺、G⁻ 分别表示土壤细菌生物量、真菌生物量、放线菌生物量、革兰氏阳性菌生物量、革兰氏阴性菌生物量

图2 土壤微生物群落与土壤环境因子、酶活性的 RDA 分析

3 讨论与结论

土壤结构是土壤功能的基础,而土壤容重、孔隙度对土壤结构及养分的供应起至关重要的作用^[28-29]。有研究表明,增施有机物料能够降低土壤容重,增加土壤孔隙度,改善土壤结构^[30]。本研究表明,与单施化肥处理相比,增施微生物菌肥或土壤改良基质处理能够降低土壤容重,提高土壤孔隙度。分析认为,微生物菌肥与土壤改良基质在发挥肥效的过程中,由于其疏松多孔的结构特性以及较大的比表面积使其具有较强的吸附能力,能够促进团聚体形成,降低土壤容重,提高土壤孔隙度,改善土壤结构^[31],这与韦建玉等的研究结果^[32]较为一致。

微生物菌肥与化肥及土壤改良基质配施能够提高土壤各养分含量,2021 年时,碱解氮、速效磷、速效钾、有机质的含量均显著高于单施化肥、微生物菌肥以及配施土壤改良基质处理,而与微生物菌肥配施化肥处理相比,除碱解氮含量显著提高外,其他养分含量均差异不显著。分析认为,微生物菌肥配施化肥既能够弥补单施微生物菌肥在作物前期养分释放缓慢的缺点,又能够保障作物在生长后期对养分的吸收利用,能够提高养分利用效率,避免养分淋失浪费,土壤改良基质有机质含量较多,其他氮磷钾含量较低,不能满足作物对养分的吸收利用。但土壤改良基质与微生物菌肥及化肥配施,能够改善土壤容重及透气性,提高养分利用效率。这与大多数人的研究结果^[33-34]较为一致。但也有研究表明,微生物菌肥对土壤有机质、速效磷含量

影响显著,但对土壤速效氮、速效钾的含量影响不显著,这可能跟土壤类型及基础土壤养分水平有关^[35]。

土壤酶是由动植物残体、微生物释放的一类具有生物催化作用的活性物质,能够用于表征土壤养分状况和土壤质量好坏^[36]。土壤微生物磷脂脂肪酸含量变化能够反映土壤微生物群落结构的变化^[37]。本研究表明,与单施化肥、微生物菌肥以及配施土壤改良基质处理相比,微生物菌肥与化肥及土壤改良基质配施能够提高土壤生物学特性,改善土壤微生物群落结构。微生物菌肥及土壤改良基质含有丰富的碳源可供土壤微生物利用,施入土壤中能够提高土壤微生物代谢水平,促进某类适宜生存菌类快速繁殖,改变土壤微生物群落构成,其中微生物菌肥与化肥及土壤改良基质配施能够明显提高细菌比例,降低真菌比例,使土壤类型由有害的真菌型向有益的细菌型转变。结合土壤养分含量变化,土壤微生物代谢水平的提高,对土壤生物学特性以及养分转化水平的提高有明显的促进作用,从而减缓或改善因连作造成的土壤质量恶化。由此可知,微生物菌肥与化肥及土壤改良基质配施对马铃薯连作土壤环境的改善具有良好的持续效应,能够提高土壤生态系统的稳定性。而土壤酶活性与土壤环境因子的相关性分析,以及酶活性、环境因子与土壤微生物的多元分析表明,土壤各因子水平联系紧密,土壤微生物群落、酶活性受外源养分因素的影响较大。由此可知,50% 化肥 + 50% 微生物菌肥 + 土壤改良基质配施能够有效缓解马铃薯连作障碍,有效改善土壤结构及微生态环境,提

高土壤养分及酶活性水平。

参考文献:

- [1]徐建飞,金黎平. 马铃薯遗传育种研究:现状与展望[J]. 中国农业科学,2017,50(6):990-1015.
- [2]杨雅伦,郭燕枝,孙君茂. 我国马铃薯产业发展现状及未来展望[J]. 中国农业科技导报,2017,19(1):29-36.
- [3]钟鑫,蒋和平,张忠明. 我国马铃薯主产区比较优势及发展趋势研究[J]. 中国农业科技导报,2016,18(2):1-8.
- [4]刘秩汝. 浅谈马铃薯脱毒种薯应用现状及发展建议[J]. 中国农业信息,2015(14):133-134.
- [5]孙小花,胡新元,陆立银,等. 黄土高原马铃薯不同连作年限土壤理化性质及微生物特性[J]. 干旱地区农业研究,2019,37(4):184-192.
- [6]韩亚楠,高中强,杨元军,等. 减量配施腐植酸肥对连作马铃薯及土壤的影响[J]. 中国马铃薯,2021,35(1):30-37.
- [7]侯乾,王万兴,李广存,等. 马铃薯连作障碍研究进展[J]. 作物杂志,2019(6):1-7.
- [8]Sandaña P. Phosphorus uptake and utilization efficiency in response to potato genotype and phosphorus availability[J]. European Journal of Agronomy,2016,76:95-106.
- [9]崔海信,姜建芳,刘琪. 论植物营养智能化递释系统与精准施肥[J]. 植物营养与肥料学报,2011,17(2):494-499.
- [10]马文军,武均,宋雪峰,等. 不同施肥处理对马铃薯农田土壤理化性状及产量的影响[J]. 中国农学通报,2021,37(15):87-91.
- [11]马宗海,闫治斌,刘玉环,等. 有机改土生态肥配方筛选及对土壤性质和马铃薯经济效益的影响[J]. 干旱地区农业研究,2016,34(6):197-203.
- [12]宋震霞,李絮花,李娟,等. 有机肥和化肥长期施用对土壤活性有机氮组分及酶活性的影响[J]. 植物营养与肥料学报,2014,20(3):525-533.
- [13]高菊生,黄晶,董春华,等. 长期有机无机肥配施对水稻产量及土壤有效养分影响[J]. 土壤学报,2014,51(2):314-324.
- [14]邢鹏飞,高圣超,马鸣超,等. 有机肥替代部分无机肥对华北农田土壤理化特性、酶活性及作物产量的影响[J]. 中国土壤与肥料,2016(3):98-104.
- [15]张瑞福,颜春荣,张楠,等. 微生物肥料研究及其在耕地质量提升中的应用前景[J]. 中国农业科技导报,2013,15(5):8-16.
- [16]田露,刘景辉,赵宝平,等. 保水剂和微生物菌肥配施对旱作燕麦土壤微生物生物量碳、氮含量及酶活性的影响[J]. 水土保持学报,2020,34(5):361-368.
- [17]刘吉青,兰挚谦,田兴武,等. 微生物菌肥与蚯蚓液体肥对设施连作番茄生长和土壤肥力的影响[J]. 安徽农业大学学报,2019,46(6):1069-1074.
- [18]宋时丽,吴昊,黄鹏伟,等. 秸秆还田土壤改良培肥基质和复合菌剂配施对土壤生态的影响[J]. 生态学报,2021,41(11):4562-4576.
- [19]刘赵帆. 微生物菌肥替代部分化肥对设施黄瓜生长、品质及产量的影响[J]. 北方园艺,2022(2):47-53.
- [20]王秀娟,韩瑛祚,何志刚,等. 微生物菌肥对设施番茄养分吸收与土壤氮磷累积的影响[J]. 北方园艺,2021(19):100-106.
- [21]刘红波,乔志刚,王永铭,等. 不同微生物菌肥对结球白菜产量和品质的影响[J]. 北方农业学报,2020,48(6):45-49.
- [22]许景钢,孙涛,李嵩. 我国微生物肥料的研发及其在农业生产中的应用[J]. 作物杂志,2016(1):1-6.
- [23]王艳丽. 环刀法测定土壤田间持水量实验结果分析[J]. 地下水,2016,38(2):55-57.
- [24]鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 3版. 北京:中国农业出版社,2000.
- [25]关松荫. 土壤酶及其研究法[M]. 北京:农业出版社,1986.
- [26]姚晓东,王妮,曾辉. 磷脂脂肪酸法在土壤微生物群落分析中的应用[J]. 微生物学通报,2016,43(9):2086-2095.
- [27]陈坤,徐晓楠,彭靖,等. 生物炭及炭基肥对土壤微生物群落结构的影响[J]. 中国农业科学,2018,51(10):1920-1930.
- [28]Bronick C J, Lal R. Soil structure and management: a review[J]. Geoderma,2005,124(1/2):3-22.
- [29]张贺,杨静,周吉祥,等. 连续施用土壤改良剂对砂质潮土团聚体及作物产量的影响[J]. 植物营养与肥料学报,2021,27(5):791-801.
- [30]黄凯,王娟,何万春,等. 秸秆还田量对土壤和马铃薯产量及水分利用效率的影响[J]. 甘肃农业科技,2019(3):26-31.
- [31]Han Y G, Yu X X, Yang P L, et al. Dynamic study on water diffusivity of soil with super-absorbent polymer application[J]. Environmental Earth Sciences,2013,69(1):289-296.
- [32]韦建玉,王政,黄崇峻,等. 增施微生物菌肥对植烟土壤理化性质及微生物量的影响[J]. 贵州农业科学,2018,46(11):57-61.
- [33]岳自慧,翟汝伟,罗世武,等. 作物秸秆配施生物菌肥对宁南山区新修梯田土壤理化性状的影响[J]. 中国水土保持,2018(2):50-53,69.
- [34]王涛,辛世杰,乔卫花,等. 几种微生物菌肥对连作黄瓜生长及土壤理化性状的影响[J]. 中国蔬菜,2011(18):52-57.
- [35]李丹. 有机微生物菌肥对黄瓜田土壤理化性状的影响[J]. 现代园艺,2017(7):15.
- [36]许云翔,何莉莉,刘玉学,等. 施用生物炭6年后对稻田土壤酶活性及肥力的影响[J]. 应用生态学报,2019,30(4):1110-1118.
- [37]Barreiro A, Fontúrbel M T, Lombao A, et al. Using phospholipid fatty acid and community level physiological profiling techniques to characterize soil microbial communities following an experimental fire and different stabilization treatments[J]. Catena,2015,135:419-429.