

曾广娟,冯 阳,吴 舒,等. 有机种植与常规种植蔬菜地土壤细菌群落多样性分析[J]. 江苏农业科学,2023,51(7):197-205.  
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2023.07.027

# 有机种植与常规种植蔬菜地土壤细菌群落多样性分析

曾广娟<sup>1</sup>,冯 阳<sup>2</sup>,吴 舒<sup>1</sup>,彭红丽<sup>1</sup>,耿世刚<sup>1</sup>

(1. 河北环境工程学院,河北秦皇岛 066102; 2. 企美实业集团有限公司,河北邯郸 057150)

**摘要:**为揭示有机种植和常规种植 2 种不同方式对不同土层(0~15 cm 和 15~30 cm)细菌群落的多样性特征,采用 Illumina Miseq 高通量测序技术比较了土壤细菌群落结构的差异,利用 FAPROTAX 软件对获得相应土层细菌群落的功能进行预测。共检测到 8 792 个 OTU,分属于 88 门 152 纲 319 目 446 科 841 属 371 种。有机种植方式的优势菌门为放线菌门、绿弯菌门,而常规种植以变形菌门、酸杆菌门为优势菌门。属水平上,有机种植提高了 *Haliangium*、*Pelagibius* 和 *Castellaniella* 等有益菌的丰度;常规种植增加了促进氮磷循环和降解农药等有机污染物的细菌丰度,如 *Candidatus\_Entotheonella*、*Candidatus\_Nitrosotenuis*、*Flavisolibacter*、*Terrimonas*、*Sphingomonas*、*Pseudoxanthomonas*,同时常规种植也使得土传病害致病菌 *Ralstonia* 的丰度增加;不同土层之间,优势菌属也表现出明显不同。 $\alpha$ -多样性指数分析表明,有机种植 0~15 cm 土层细菌群落丰富度、物种的均匀度均为最高,且与其他土层在 observed\_species 指数、Shannon 指数、Simpson 指数、Chao1 指数、ACE 指数有显著差别( $P<0.05$ )。dbRDA 分析显示,环境因子对土壤细菌群落的影响大小依次为总氮、土壤有机质、总磷、pH 值和总钾。Mantel test 检验表明,总氮、土壤有机质、总磷、pH 值是影响不同种植方式土壤细菌群落的关键环境因子。上述结果表明,不同种植方式不同土层细菌多样性存在差异,各具优势菌群。有机种植细菌群落的多样性、丰富度和稳定度更高,更有利于增加土壤中的有益菌群。

**关键词:**有机种植;常规种植;高通量测序;细菌群落多样性

**中图分类号:**S154.3 **文献标志码:**A **文章编号:**1002-1302(2023)07-0197-08

长期以来高强度地掠夺性种植和化肥农药引发的耕地质量下降问题已成为制约中国农业可持续发展的瓶颈。因此,有机农业应时而生,有机农业更强调对生态环境的保护及注重土壤的健康。丰富而稳定的土壤微生物多样性是维持土壤肥力和土壤健康的核心与关键,土壤细菌的丰富度和多样性对于维持土壤生态系统健康发挥着关键作用<sup>[1]</sup>,在绿色发展大背景下土壤微生物在未来农业生产中将扮演越来越重要的角色。因此,探索有机与常规种植土壤细菌群落多样性对建立高效、安全、资源节约、环境友好的有机农业发展具有重要作用。国内外学者对有机种植与常规种植 2 种农业生产方式的农作物产量与品质<sup>[2-3]</sup>、土壤环境质

量<sup>[4-6]</sup>、土壤肥力效应<sup>[7-9]</sup>、根际代谢产物<sup>[10]</sup>、不同种植方式对生态环境的影响<sup>[11-12]</sup>等角度开展了相关研究,认为与常规种植方式相比,有机种植方式在各方面显示出显著的优越性。随着土壤生物技术的发展 and 不断完善,土壤微生物研究迅速成为国际科学研究热点之一。汪润池等认为,有机种植地块的土壤微生物群落特征的综合评分高于常规种植地块<sup>[13]</sup>。冯海玮等研究证明,有机种植麦田中细菌种群更为丰富,有机种植可以增加土壤细菌多样性,且不同土层细菌多样性存在差异<sup>[14]</sup>。黄化刚等对喀斯特地区由常规种植转为有机种植的烟田微生物的分析表明,土壤有益微生物类群数量增加,细菌以变形菌门、放线菌门、酸杆菌门占优势<sup>[15]</sup>。微生物多样性越高的土壤,表现出更复杂的生态功能、更高的抗环境胁迫和作物生产能力<sup>[16-17]</sup>。土壤微生物数量巨大、种类丰富,但能够被鉴定的微生物种类不足 5%<sup>[18]</sup>,随着高通量测序平台的发展,更多低丰富群落物种被鉴定,提高了微生物群落研究的完整性,成为了研究微生物群落多样性的重要手段。然而,采用高通量测序技术探究有机种植与常规种植蔬菜地土壤细菌群落结构多样性的差异

收稿日期:2022-05-30

基金项目:河北省科技支撑项目(编号:22374208D);河北省农业生态安全重点实验室开放基金(编号:2020SYSJJ05);河北省秦皇岛市科技局项目(编号:202101A129)。

作者简介:曾广娟(1970—),女,河北昌黎人,博士,教授,研究方向为土壤环境修复。E-mail:guangjuan.z@163.com。

通信作者:耿世刚,教授,研究方向为区域可持续发展,产业生态学。E-mail:gsg1668@163.com。

研究尚鲜见报道。采用 Illumina 测序技术对 2 种不同种植方式土壤细菌群落的组成和多样性进行分析,以期为保护土壤微生物多样性、保持土壤肥力、维护土壤健康、建立合理的种植方式提供理论依据。

1 研究区概况与研究方法

1.1 材料

研究区位于河北省邯郸市永年区企美实业集团有限公司南王庄有机蔬菜种植基地和隔离带外的常规种植基地(36°37'N,114°41'E),面积均为 1.33 hm<sup>2</sup>,为鲜食大豆和西兰花轮种,土壤为褐土。南王庄有机蔬菜种植基地 2018 年开始进行有机蔬菜种植,开始有机种植前 2 种植基地土壤的经营管理状况一致。有机种植基地施用肥料为公司自制羊粪 30 000 kg/(hm<sup>2</sup>·年),常规种植区域施用肥料为 1 500 kg 化肥/(hm<sup>2</sup>·年);有机肥在 3 月初施入,化肥根据蔬菜生长状况于生长季节施入。

1.2 土壤样品采集

鲜食大豆于 2021 年 7 月底采收,西兰花于 8 月初栽植,2021 年 8 月 25 日在 2 基地内各设置 2 个 10 m×10 m 的样方,每个样方按梅花形采样法,分别挖取 0~15 cm 和 15~30 cm 土壤样品并相同土层多点混合而成,所有样品分成 2 份,1 份置于-80℃保存用于土壤高通量测序,1 份风干后用于土壤化学性质测定。有机种植样地的土壤样品记为 YJ1(0~15 cm)、YJ2(15~30 cm);常规种植样地的土壤样品为 CK1(0~15 cm)和 CK2(15~30 cm)。

1.3 土壤细菌群落分析

采用 CTAB 法从样品中提取总基因组 DNA,在 1% 琼脂糖凝胶上监测浓度及纯度;依据 16S rRNA 基因的变异区域,利用保守区设计通用引物进行

PCR 扩增;对 PCR 产物进行纯化;使用 TruSeqDNA PCR-Free 样品制备试剂盒生成测序文库(Illumina);对高变区进行测序分析和菌种鉴定。

1.4 土壤理化性质测定

土壤有机质的测定采用重铬酸钾氧化-容量法,全氮测定采用凯氏定氮法,全磷测定采用硫酸-高氯酸消煮法,全钾的测定采用 NaOH 熔融-火焰光度法,土壤 pH 值测定采用电位法。

1.5 数据处理

基于 Illumina NovaSeq 测序平台,利用双端测序的方法,进行 PE250 双末端测序,测序得到的下机数据进行拼接和质控,得到 Clean Tags,再进行嵌合体过滤,得到可用于后续分析的有效数据。以 97% 的一致性将序列聚类成为 OTU (operational taxonomic units),共得到 8 792 个 OTU,然后对 OTU 序列与 Silva138 数据库进行物种注释。根据物种注释情况,进行组间细菌相对丰度比较及进一步计算 α 多样性,进行组间差异的比较,揭示不同种植方式下土壤细菌群落结构的差异特征。

2 结果与分析

2.1 有机种植与常规种植土壤化学性质分析

由测定结果(表 1)可知,有机种植与常规种植土壤均为弱碱性,表层土壤 pH 值低于深层土壤,有机种植土壤 pH 值低于同土层常规种植 pH 值。相同土层土壤有机质以有机种植方式高,表层土壤高于深层土壤,变化趋势为 YJ1>CK1>YJ2>CK2,表层与深层表现出了显著性差别;土壤全氮、全磷、全钾表现出了相同变化趋势,为 CK1>CK2>YJ1>YJ2;方差分析(ANOVA)和 LSD 多重比较显示不同种植方式土壤化学性质存在显著差别( $P<0.05$ )。

表 1 不同种植方式不同土层土壤理化性质

种植方式	pH 值	土壤有机质含量 (g/kg)	土壤全氮含量 (mg/kg)	土壤全磷含量 (mg/kg)	土壤全钾含量 (mg/kg)
YJ1	8.15±0.09b	21.02±0.02a	62.6±12.85c	71.33±3.71b	12.29±0.74ab
YJ2	8.45±0.04a	15.79±0.88bc	19.13±7.32c	56.84±6.77b	10.14±0.33b
CK1	8.26±0.07b	17.77±2.02b	304.20±40.16a	118.72±21.70a	12.85±0.83a
CK2	8.53±0.06a	13.10±1.16c	155.23±23.83b	75.27±13.73b	12.61±2.12a

注:同列数据后不同小写字母表示在 0.05 水平差异显著( $P<0.05$ )。下表同。

2.2 有机种植与常规种植土壤细菌 OTU 分布

由测序结果(图 1)可知,随着测序量的增加,4 组土壤样品的稀释曲线逐渐趋于平缓,提示测序数据量渐进合理,更多的数据量仅会产生少量新的物

种(OTU)<sup>[19]</sup>。所有样品的测序覆盖度均在 97% 以上,证明本次试验取样量基本合理,可开展后续的多样性分析,能真实反映有机种植和常规种植土壤细菌的群落组成。

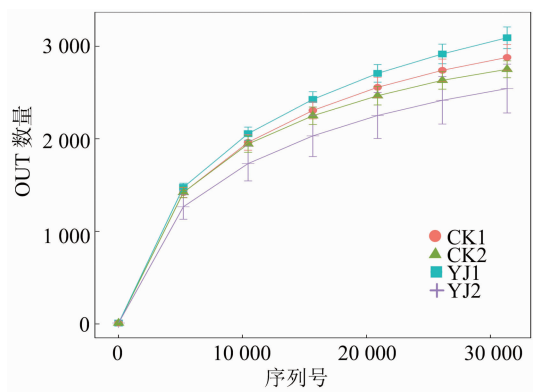


图1 基于 OTU 丰度的土壤样品细菌群落的稀释曲线

对 Illumina NovaSeq 测序所得土壤样品数据经质检后,所有样品获得的细菌有效序列总数为 206 946 条,4 组 12 个土壤样品的 8 792 个 OTU 分属于 88 门 152 纲 319 目 446 科 841 属 371 种。

由图 2、图 3 可知,Venn 图中有机种植与常规种植土壤细菌共有的 OTU 数是 1 955 个,占总数的 23.4%。YJ1 特有的 OTU 数最高,为 845 个,占总数的 10.1%;CK1 特有的 OTU 为 819 个,占比 9.8%;YJ2 为 686 个,占总数的比例为 8.2%;CK2 特有的 OTU 数量最低,为 672 个,占总数的 8.0%。表明不同种植方式不同土层细菌群落结构有一定相似性,同时表现出特异性,以 YJ1 土壤细菌特有的 OTU 最高,可能与种植方式有密切关系。

2.3 有机种植与常规种植方式土壤细菌 α 多样性指数分析

由表 2 可知,α 多样性指数分析中,分别对 4 个

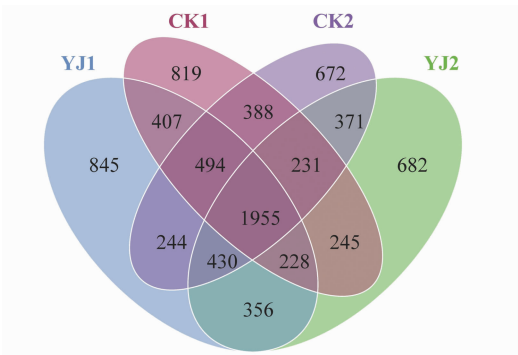


图2 有机种植与常规种植土壤细菌 OTU 分布 Venn 图

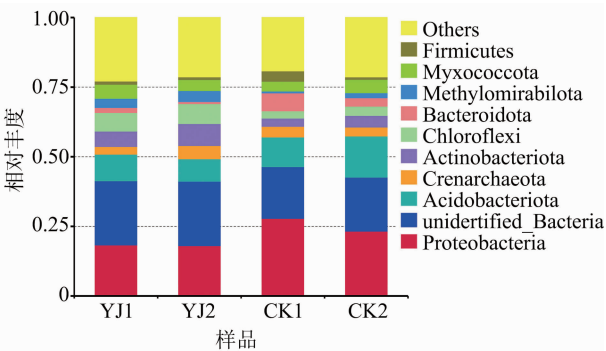


图3 有机种植与常规种植不同深度土壤细菌在门水平上的相对丰度

样品的 observed \_ species 指数、Shannon 指数、Simpson 指数、Chao1 指数、ACE 指数进行统计,使用方差分析(ANOVA)和 LSD 多重比较探究不同样品的差异显著性,YJ1 的 5 个指数均为最大,除 observed\_species 指数外,YJ1 在上述 4 个指数分别与 YJ2、CK1、CK2 存在显著差别( $P < 0.05$ ),表明 YJ1 细菌群落的丰富度、物种的均匀度均为最高。

表 2 有机种植与常规种植土壤细菌 Alpha 多样性指数比较

种植方式	observed_species 指数	Shannon 指数	Simpson 指数	Chao1 指数	ACE 指数
YJ1	3 092.667 ± 143.061a	9.804 ± 0.138a	0.997 33 ± 0.000 3a	3 911.708 ± 213.66a	3 994.539 ± 248.039a
YJ2	2 543.000 ± 323.074b	9.303 ± 0.284b	0.995 33 ± 0.001 5b	3 081.207 ± 272.095b	3 141.109 ± 268.477b
CK1	2 880.000 ± 168.970a	9.561 ± 0.114ab	0.995 67 ± 0.000 6a	3 387.203 ± 372.927b	3 497.510 ± 375.639b
CK2	2 751.333 ± 112.010a	9.706 ± 0.209a	0.996 67 ± 0.000 6a	3 183.152 ± 70.908b	3 224.570 ± 12.088b

2.4 有机种植与常规种植土壤细菌相对丰度分析

由图 3 可知,物种注释结果,YJ1、YJ2、CK1、CK2 样品土壤细菌在门分类水平上属于 88 个门,相对丰度排名前 10 的细菌门依次为变形菌门(Proteobacteria)、unidentified \_ Bacteria、酸杆菌门(Acidobacteriota)、泉古菌门(Crenarchaeota)、放线菌门(Actinobacteriota)、绿弯菌门(Chloroflexi)、拟杆菌门(Bacteroidota)、甲基肌酐菌门(Methyloirabilota)、黏菌门(Myxococcota)、厚壁菌

门(Firmicutes),10 个菌门的相对丰度在样本 YJ1、YJ2、CK1、CK2 中占有所有菌门的比例分别为 77.17%、78.66%、80.83%、78.67%。以变形菌门(相对丰度 18.10% ~ 27.86%)和酸杆菌门(相对丰度 8.10% ~ 14.74%)2 大菌门占绝对优势。进一步 LSD 多重比较显示,放线菌门、绿弯菌门和甲基肌酐菌门 3 个菌门的相对丰度以有机种植的不同土层丰度高,与常规种植表现出显著差异( $P < 0.05$ );而常规种植中变形菌门、酸杆菌门、拟杆菌门和厚壁菌

门 4 个菌门的相对丰度显著高于有机种植 ( $P < 0.05$ )。由表 3 可知,相同种植方式的不同土层间,YJ1 和 YJ2 在门水平未表现出显著性差异;而常规种植中,酸杆菌门、拟杆菌门和厚壁菌门在 CK1 和 CK2 间的相对丰度差异显著 ( $P < 0.05$ )。而泉古菌门和黏菌门在有机种植与常规种植不同土层中的相对丰度接近,未表现出显著差别。

高通量测序显示,4 个样品共分属于 841 属,其中优势菌属(相对丰度  $> 1\%$ )为 MND1、*Sphingomonas*、*Haliangium*、*Dongia*。由图 4 可知,属水平聚类丰度热图,YJ1 样品细菌丰度较大的属包括 MND1、*Haliangium* 和 *Dongia*,*Dongia* 在 YJ2 样品中丰度也较高,但 *Haliangium* 和 *Dongia* 在 CK1 和

CK2 中丰度明显降低甚至消失;在 YJ2 样品中丰度较高而在 CK1 和 CK2 中丰度较低或几乎接近零的属包括 *oc32*、*MIZ17*、*Pelagibius*、*Castellaniella*、*Gaiella*、*Candidatus \_ Nitrososphaera*、*Lysobacter*。在 CK1 丰度较大但在其他样品丰度极低的属是 *Faecalibacterium* 和 *Ellin6055*,CK1 和 CK2 丰度同时较高的属是 *Massilia*、*Flavisolibacter*、*Steroidobacter*、*Pontibacter*、*Sphingomonas*、YC - ZSS - LKJ147、SWB02、*Bacillus*、*Bryobacter*、RB41 和 *Pseudoxanthomonas*;CK1 和 YJ1 丰度均较高的属有 *Lactobacillus*、*Candidatus \_ Entotheonella* 和 *Skermanella*。CK2 和 YJ2 丰度都较高的属是 *Ralstonia* 和 *Pseudomonas*。

表 3 有机种植与常规种植不同深度土壤细菌在门水平的相对丰度差异分析

种植方式	相对丰度(%)				
	变形菌门	不明细菌门	酸杆菌门	泉古菌门	放线菌门
YJ1	18.27 ± 3.34b	23.01 ± 0.47a	9.56 ± 2.10bc	2.76 ± 1.69	5.54 ± 1.00b
YJ2	18.10 ± 1.94b	23.07 ± 1.07a	8.10 ± 0.96c	4.77 ± 4.95	7.87 ± 1.14a
CK1	27.86 ± 2.88a	18.59 ± 1.39b	10.68 ± 1.19b	3.83 ± 0.97	3.01 ± 0.63c
CK2	23.30 ± 1.60a	19.43 ± 0.57c	14.74 ± 0.85a	3.24 ± 1.10	4.17 ± 0.76bc

种植方式	相对丰度(%)				
	绿弯菌门	拟杆菌门	甲基肌酐菌门	黏菌门	厚壁菌门
YJ1	6.66 ± 1.89a	1.88 ± 0.19b	3.29 ± 0.80a	5.04 ± 1.11	1.14 ± 0.13b
YJ2	7.16 ± 1.34a	0.70 ± 0.24b	3.94 ± 2.45a	4.01 ± 0.82	0.96 ± 0.75b
CK11	2.60 ± 0.22b	6.43 ± 1.97a	0.68 ± 0.10b	3.52 ± 0.17	3.75 ± 1.72a
CK2	3.37 ± 0.20b	2.97 ± 1.54b	1.80 ± 0.24ab	4.77 ± 0.93	0.90 ± 0.18b

2.4 有机种植与常规种植土壤细菌群落组成分析

为探究有机种植与常规种植土壤细菌群落结构差异,基于 weighted Unifrac 距离进行主坐标分析(PCoA)。由图 5 可知,pcoa1 轴和 pcOA2 轴分别表示 2 种不同种植方式不同土层间差异贡献率分别是 50.7% 和 15.66%,累计贡献率为 66.36%。其中,YJ1 和 YJ2 位于第Ⅱ和第Ⅲ象限,CK1 和 CK2 位于第Ⅰ象限,土壤细菌群落按照不同样品聚集成簇;另发现,CK1 和 CK2 这 2 个圈的距离大于 YJ1 和 YJ2 这 2 个圈的距离,说明 YJ1 和 YJ2 细菌群落结构差异不明显,CK1 和 CK2 间差异较明显,有机种植的细菌群落和常规种植的细菌群落可很好地区分。PCoA 分析表明,2 种不同模式的土壤细菌群落有明显差别。

由图 6 可知,LDA score  $> 4$  的土壤样品丰度差异的显著物种。本次共检测到 23 个有显著差异的细菌群落。对于 YJ1 组,对其有显著影响效应的菌群是罗库菌目(Rokubacterales);对于 YJ2 土壤细菌

群落,对其有显著影响的菌群为 11 个,其中,影响较大的 3 个菌群分别为芽单胞菌目(Gemmatimonadales)、芽单胞菌科(Gemmatimonadaceae)、放线菌门;对于 CK1 组,对其有显著影响的菌群为 9 个,其中影响较大的 3 大菌群依次为变形菌门、鞘脂单胞菌科(Sphingomonadaceae)、鞘脂单胞菌目(Sphingomonadales);对 CK2 组影响较大的菌群是酸杆菌门和  $\gamma$  变形菌纲(Gammaproteobacteria)。因此,不同种植方式、不同土层细菌群落均有差别。

2.5 土壤细菌群落与环境因子的冗余分析

为进一步揭示影响不同种植方式土壤微生物群落的环境因子,以土壤细菌属水平群落丰度为响应变量,土壤环境因子为解释变量进行基于距离的冗余分析(dbRDA),由图 7 可知,细菌的第一轴和第二轴累计解释变异量为 81.51%。有机种植中 0~15 cm 土层的采样点 YJ1(Y.J.1、Y.J.2 和 Y.J.3)与 15~30 cm 土层的采样点 YJ2(Y.J.4、Y.J.5 和

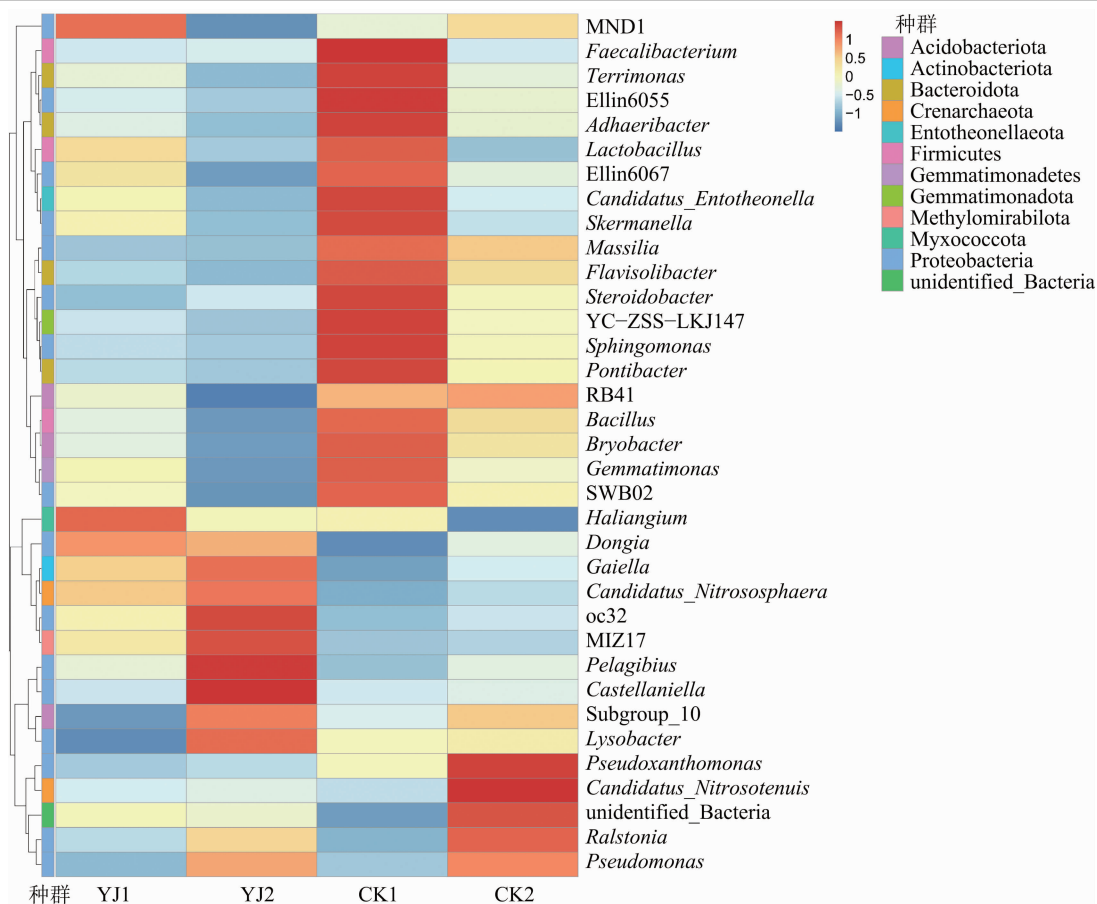


图4 有机种植与常规种植土壤细菌属水平丰度热图

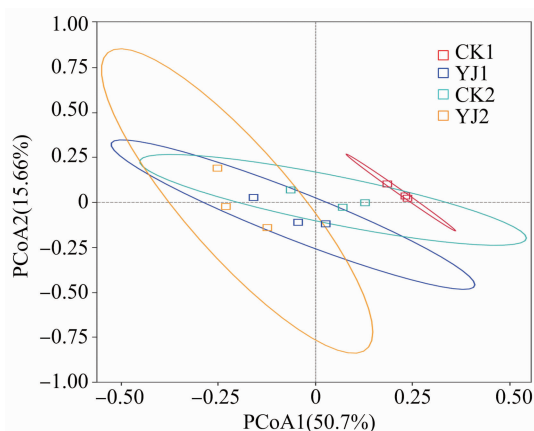


图5 有机种植与常规种植基于 OUT 水平的土壤细菌群落 PCoA 分析

Y. J. 6) 距离更近, 而常规种植中 0 ~ 15 cm 采样点 CK1 (C. G. 1、C. G. 2 和 C. G. 3) 与 15 ~ 30 cm 采样点的 CK2 (C. G. 4、C. G. 5 和 C. G. 6) 距离更近, 表明相同种植方式不同土层微生物群落的组成类似, 不同种植方式土壤微生物群落差异明显。细菌群落中, *Haliangium* 与 SOM 呈正相关, 而与 pH 值呈负相关; *MND1*、*unidentified\_Bacteria* 和 *Candidatus\_Nitrosotenuis* 与 pH 值呈正相关, 而与 SOM 呈负相

关; *Sphingomonas*、*RB41* 与 *Pontibacter* 与 TN、TP、TK 呈正相关, 且对 *Sphingomonas* 影响最大; *Dongia* 和 *Candidatus\_Nitrososphaera* 与 TN、TP、TK 呈正相关。环境因子对土壤细菌群落的影响大小依次为  $TN > SOM > TP > pH > TK$ , Mantel test 检验表明,  $TN (R^2 = 0.8535, P = 0.001)$ 、 $SOM (R^2 = 0.7572, P = 0.002)$ 、 $TP (R^2 = 0.7011, P = 0.005)$ 、pH 值 ( $R^2 = 0.5206, P = 0.04$ ) 是影响不同种植方式土壤细菌群落的主要环境因子, 而  $TK (R^2 = 0.2854, P = 0.217)$  对土壤细菌群落的影响不显著。

### 3 讨论

本研究是基于 16S rRNA 高通量测序技术分析对比了有机种植与常规种植蔬菜地 2 种不同模式、不同深度土层的细菌群落结构特征, 发现不同种植方式、不同土层的 OTU 数目、细菌群落组成和多样性存在差异。

#### 3.1 不同种植方式不同土层土壤化学性质比较

分析结果发现, 有机种植降低了土壤 pH 值, 有机种植蔬菜地有机质含量分别比常规种植相同土层提高了 18.29% 和 20.53%, 这与王宏燕、姜璐等



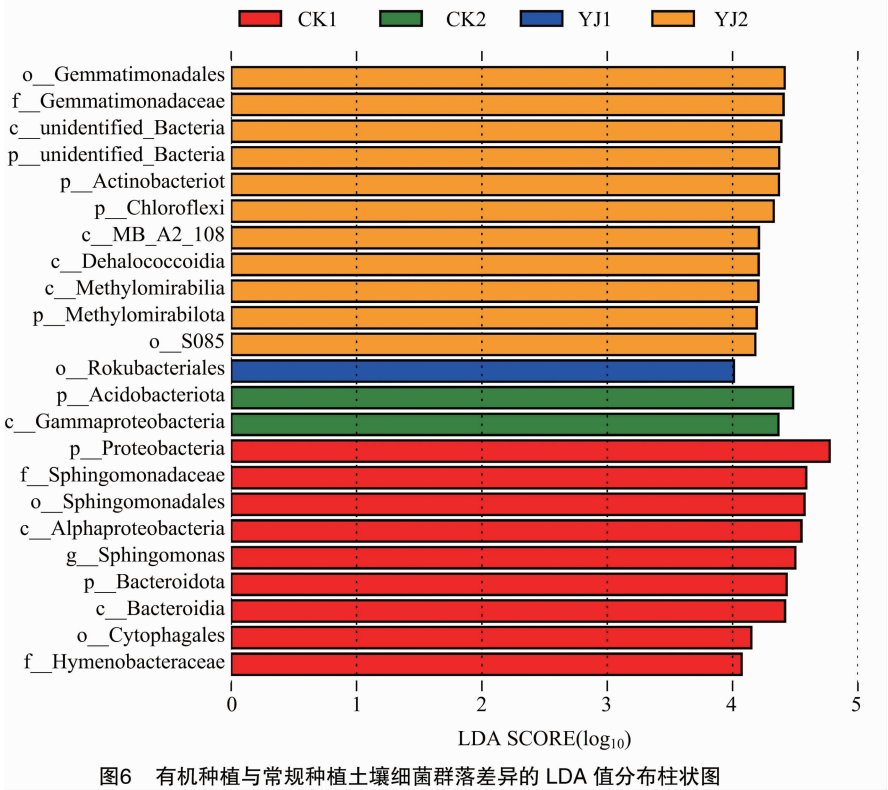


图6 有机种植与常规种植土壤细菌群落差异的 LDA 值分布柱状图

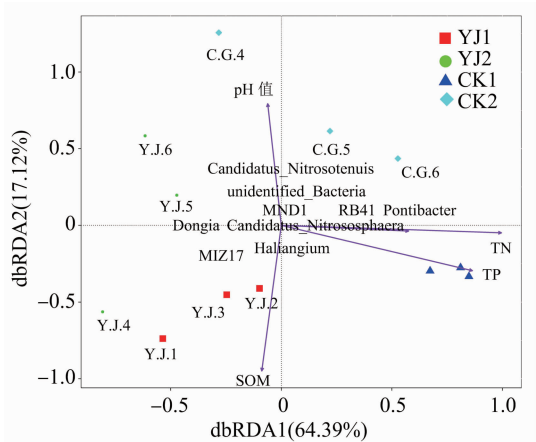


图7 细菌属水平群落结构与土壤环境因子基于距离的冗余分析

对华北和华中典型农场有机种植土壤的研究结果<sup>[6,20]</sup>一致。但 TN、TP、TK 均低于常规种植相同土层,这可能是由于:第一,有机肥的氮素矿化率显著低于无机肥,土壤氮素有效性下降<sup>[21]</sup>。第二,有机种植时间短,有机种植体系实施前期养分释放缓慢从而导致土壤养分的供应不足<sup>[22]</sup>。第三,常规种植过量施用化肥。第四,2 种植方式地上部产量基本接近。

3.2 有机种植与常规种植不同种植方式不同土层细菌多样性

$\alpha$ -多样性指数是有效评价土壤微生物群落多样性和物种丰富度的指标<sup>[23]</sup>。本研究发现,YJ1 的

Shannon 指数、Simpson 指数、Chao1 指数、ACE 指数在 4 个样品中均为最大,表明有机种植方式下 0 ~ 15 cm 土壤细菌群落的多样性、丰富度与物种的均匀度均为最高,说明有机种植增加了表层土壤细菌的多样性和丰富度,研究结果与前人研究结果<sup>[14]</sup>一致,这可能与有机种植过程中仅施用园区内闭合循环过程中自制的有机肥料有关。陈芝兰等研究证明,有机肥可为土壤微生物提供所需的氮源、碳源与能量,有利于微生物的生长与繁殖,增加微生物的数量和活性<sup>[24]</sup>。但本研究中,有机种植 15 ~ 30 cm 深的土层  $\alpha$  多样性指数最低,这可能与细菌在土壤中的分布特性有关,也可能是由于有机种植时间较短所致。

3.3 不同种植方式不同土层细菌群落特征分析

有机种植与常规种植土壤细菌群落空间分布显示,不同种植方式不同土层差异对土壤细菌群落组成有一定的影响,2 种植方式下既有共同的优势细菌群落,同时也存在差异。门水平上,不同种植方式不同土层中,土壤细菌以变形菌门、酸杆菌门、泉古菌门、放线菌门等占绝对优势,这与已有的研究结果<sup>[15]</sup>一致。本研究中,放线菌门、绿弯菌门为有机种植方式的优势菌群,放线菌门属于土壤中的有益菌群,有助于土壤的生物缓冲作用并在作物

生产的有机物分解中扮演着一定作用,放线菌门细菌还具有共生固氮和解磷作用<sup>[6,25]</sup>;绿弯菌门参与包括 CO<sub>2</sub> 固定、CH<sub>4</sub> 氧化及纤维素等大分子降解的碳循环过程,同时也是氮硫元素循环的重要参与者<sup>[5]</sup>,还能促进土壤有毒物质的降解<sup>[26]</sup>。常规种植方式中变形菌门、酸杆菌门表现出更高的丰度,变形菌门在土壤的碳氮及硫循环中起着关键作用,但同时也含有一些致病菌<sup>[27]</sup>。常规种植土壤中变形菌门相对丰度显著上升,可能会增加一些不利于植物生长发育的致病菌;酸杆菌门是寡营养细菌<sup>[28]</sup>,一般被认为是较贫瘠土壤环境的指示细菌<sup>[29]</sup>;还可以作为土壤质量健康的一个指标<sup>[30]</sup>,土壤质量越好酸杆菌门相对丰度越低,表明常规种植土壤的营养状况和环境状况出现恶化现象。由此可知,有机种植更有利于增加土壤中的有益菌群,有利于保持土壤质量,维护土壤生态系统的健康,上述研究结果与前人研究结果<sup>[14,31]</sup>一致。然而,也有学者指出变形菌门的丰度与有机质的含量呈正相关<sup>[32]</sup>,本研究中虽未能证明这一点,但研究结果显示变形菌门是所有土壤样品中的最优势菌群,在有机质分解转化中起着重要作用,且研究区域土壤为弱碱性土壤,因此推测变形菌门可能是碱性土壤中的优势细菌群落,这与王鹏、赵祥等的研究结果<sup>[33-34]</sup>一致。

属水平上,有机种植土壤中 *Haliangium*、*Dongia*、*Pelagibius* 和 *Castellaniella* 为优势属,其中 *Haliangium* 被证实能分离出抗植物病原真菌物质,从而证明了 *Haliangium* 具有潜在的生防作用<sup>[35]</sup>,属于有益生防细菌。*Pelagibius* 属于嗜盐细菌,在盐碱土壤有机质循环及其土壤修复中发挥着重要作用,*Castellaniella* 具有降解石油烃的功能,说明有机种植更能为微生物生长提供良好的环境条件。常规种植土壤中显著增加的菌属为 *Candidatus* \_ *Entotheonella*、*Terrimonas*、*Adhaeribacter*、鞘氨醇单胞菌属、*Pseudoxanthomonas*、*Candidatus* \_ *Nitrosotenuis*、芽孢杆菌属、*Flavisolibacter*、*Ralstonia*,可能与大量施用化肥从而使氮磷在土壤中累积导致促进硝化过程与磷素循环的细菌增多;以及由于使用化学农药进行病虫害防治促使降解有机污染物的微生物增多;*Ralstonia* 是一类重要的土传病害细菌,可导致青枯病的发生,常规种植土壤中有害细菌的增加可能是由于化肥、化学农药的过度使用,造成了土壤理化性质恶化,微生物区系结构失衡,或者是由于轮作时间短所致。

不同土层之间,YJ1 土壤 *Stenotrophobacter* 的相对丰度极显著高于 YJ2 样品,有学者研究表明,*Stenotrophobacter* 具有结瘤效果<sup>[36]</sup>,可能是花椰菜上茬种植的鲜食大豆在有机种植方式下土壤表层根部更有利于根瘤的形成。常规种植 CK1 样品中 *Candidatus* \_ *Entotheonella* 相对丰度极显著高于 CK2 样品,说明化肥施入后,氮肥在表层积累更多。研究还发现,YJ1 样品中具有解磷作用的 *Inquilius* 相对丰度极显著高于 CK1 和 CK2 样品,表明有机种植土壤表层细菌可能更有利于难溶性磷转化为可溶性磷,从而保证土壤中磷的有效供应。*Opitutus* 在 YJ2 样品与 CK1 样品间表现出极显著差异,*Opitutus* 为厌氧发酵细菌,能培肥土壤和促进土壤生态良性循环,表明有机种植深层土壤也能为微生物创造良好的生态环境,有利于土壤的健康。*Solimonas* 能降解黄曲霉毒素 B<sub>1</sub>,在 CK1 样品中相对丰度极显著高于 YJ2 样品,可能是常规种植的管理措施导致了土壤生态系统的恶化。李思萌等研究认为,有机种植总体上能明显降低土壤中的重金属含量<sup>[26]</sup>,本研究发现耐铬菌属 *Terribacillus* 在 CK1 样品中相对丰度明显高于 YJ2 样品,表明有机种植对土壤中重金属的富集能起到抑制作用。

### 3.4 微生物群落结构与土壤环境因子的 dbRDA 分析

有机种植与常规种植由于农业生产标准的差别,在施肥种类与方式、种植强度、农药选择等方面存在较大差异,因而导致土壤理化性质和土壤微生物群落结构等发生显著变化,Dean 等的研究表明,土壤微生物多样性和群落结构变化与土壤特性相关<sup>[37-38]</sup>。本研究有机种植中施用的有机肥为园区内闭环循环生产的羊粪,肥料方面不存在外来引入的干扰因素,研究发现有机种植土壤的 pH 值低于常规种植相同土层的 pH 值,与王玲等的研究结果<sup>[10]</sup>一致。从不同种植方式土壤微生物(属水平)与环境因子的 dbRDA 分析可以看出,总氮、有机质、pH 值和总磷是影响微生物群落结构的关键土壤环境因子。*Sphingomonas* 与全氮、全磷、全钾和有机质同时正相关,*Sphingomonas* 能降解土壤中的有毒物质<sup>[39]</sup>,对植物生长起到保护作用。增施有机肥能够提升有益菌群 *Haliangium* 和 *Sphingomonas* 的生长,从而创造有利于植物生长的细菌群落结构。

## 4 结论

不同种植方式不同土层中,细菌多样性和群落

结构不同,有机种植 0 ~ 15 cm 土壤具有更丰富的细菌多样性和稳定性,确认放线菌门(Actinobacteriota)、绿弯菌门(Chloroflexi)为有机种植方式的特征优势菌群,变形菌门(Proteobacteria)、酸杆菌门(Acidobacteriota)为常规种植方式的特征优势菌群。 $\alpha$ -多样性指数分析表明,有机种植 0 ~ 15 cm 土层细菌群落多样性、丰富度和物种的均匀度均为最高。dbRDA 分析结果显示,土壤细菌群落主要受总氮、土壤有机质、总磷、pH 值等环境因子的显著影响,而总钾对微生物群落的影响不显著。

#### 参考文献:

- [1] 寇智瑞,周鑫斌. 不同连作年限黄壤烟田土壤细菌群落的差异[J]. 植物营养与肥料学报,2020,26(3):511-521.
- [2] de Ponti T, Rijk B, van Ittersum M K. The crop yield gap between organic and conventional agriculture[J]. Agricultural Systems, 2012,108:1-9.
- [3] Verena S, Navin R, Foley J A. Comparing the yields of organic and conventional agriculture[J]. Nature,2012,485(7397):229-32.
- [4] FlieBbach A, Oberholzer H R, Gunst L, et al. Soil organic matter and biological soil quality indicators after 21 years of organic and conventional farming[J]. Agriculture, Ecosystems & Environment, 2007,118(1/2/3/4):273-284.
- [5] 田伟,吴云成,刘明庆,等. 松华坝流域有机蔬菜种植对土壤质量的影响评价[J]. 生态与农村环境学报,2020,36(12):1549-1555.
- [6] 姜璐,申思雨,吕貽忠. 华北地区有机种植与常规种植土壤质量比较研究[J]. 土壤,2015,47(4):805-811.
- [7] 纪荣婷,董刚强,闵炬,等. 有机种植与常规种植体系的比较:基于土壤与肥料的视角[J]. 土壤,2016,48(4):627-633.
- [8] 李杰,祝凌,全利红,等. 有机种植对温室土壤肥力质量的影响[J]. 土壤,2019,51(4):690-697.
- [9] 全利红,蒋珊,祝凌,等. 有机种植对温室土壤有机碳库和酶活性的影响[J]. 中国土壤与肥料,2020(6):75-82.
- [10] 王玲,龙飞宇,刘佳斌,等. 有机种植对玉米根际土壤代谢物的影响[J]. 东北农业大学学报,2022,53(3):30-41.
- [11] 帅艳菊,刘天奇,曹凌贵,等. 有机无机肥配施对玉米-豇豆种植系统土壤  $N_2O$  排放的影响[J]. 中国生态农业学报,2018,26(12):1763-1772.
- [12] 林伟,丁军军,李玉中,等. 有机肥和无机肥对菜地土壤  $N_2O$  排放及其来源的影响[J]. 应用生态学报,2018,29(5):1470-1478.
- [13] 汪润池,宗良纲,邱晓蕾,等. 有机与常规种植蔬菜地土壤微生物群落特征的比较[J]. 南京农业大学学报,2012,35(2):99-104.
- [14] 冯海玮,王大欣,毛亮,等. 有机种植对麦田土壤微生物群落影响[J]. 上海交通大学学报(农业科学版),2016,34(5):68-75.
- [15] 黄化刚,肖谋良,梁士楚,等. 喀斯特山区不同种植方式下烟田土壤微生物特征分析[J]. 烟草科技,2015,48(11):16-21.
- [16] 朱永官,彭静静,韦中,等. 土壤微生物组与土壤健康[J]. 中国科学(生命科学),2021,51(1):1-11.
- [17] Chen Q L, Cui H L, Su J Q, et al. Antibiotic resistomes in plant microbiomes[J]. Trends in Plant Science,2019,24(6):530-541.
- [18] Maron P A, Ranjard L, Mougél C, et al. Metaproteomics: a new approach for studying functional microbial ecology[J]. Microbial Ecology,2007,53(3):486-493.
- [19] Lundberg D S, Yourstone S, Mieczkowski P, et al. Practical innovations for high-throughput amplicon sequencing[J]. Nature Methods,2013,10(10):999-1002.
- [20] 王宏燕,孙岩,于军,等. 有机种植对盐碱土主要理化性质的影响[J]. 浙江农业学报,2017,29(9):1544-1548.
- [21] Palmer M W, Cooper J, Tétard - Jones C, et al. The influence of organic and conventional fertilisation and crop protection practices, preceding crop, harvest year and weather conditions on yield and quality of potato (*Solanum tuberosum*) in a long-term management trial[J]. European Journal of Agronomy,2013,49:83-92.
- [22] Russo V M, Taylor M. Soil amendments in transition to organic vegetable production with comparison to conventional methods: yields and economics[J]. HortScience,2006,41(7):1576-1583.
- [23] Caporaso J G, Kuczynski J, Stombaugh J, et al. QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data[J]. Nature Methods,2010,7(5):335-336.
- [24] 陈芝兰,张涪平,蔡晓布,等. 秸秆还田对西藏中部退化农田土壤微生物的影响[J]. 土壤学报,2005,42(4):696-699.
- [25] 陈海生,刘守平,梁国钱,等. 3 种西兰花种植方式对根际土壤细菌群落结构和多样性的影响研究[J]. 核农学报,2021,35(6):1457-1465.
- [26] 李思萌,于军,周正立,等. 有机种植对土壤主要理化性质及重金属含量的影响[J]. 江苏农业科学,2017,45(2):253-257.
- [27] Wang Y Z, Xu X M, Liu T M, et al. Analysis of bacterial and fungal communities in continuous-cropping ramie (*Boehmeria nivea* L. Gaud.) fields in different areas in China[J]. Scientific Reports, 2020,10:3264.
- [28] Johnston - Monje D, Lundberg D S, Lazarovits G, et al. Bacterial populations in juvenile maize rhizospheres originate from both seed and soil[J]. Plant and Soil,2016,405(1):337-355.
- [29] 何玮,郭琳微,樊鹏辉,等. 黄花棘豆在腐解过程中的化感作用及其土壤细菌群落结构分析[J]. 草业学报,2015,24(7):21-29.
- [30] Shen W S, Ni Y Y, Gao N, et al. Bacterial community composition is shaped by soil secondary salinization and acidification brought on by high nitrogen fertilization rates[J]. Applied Soil Ecology, 2016, 108:76-83.
- [31] 杜思瑶,于森,刘芳华,等. 设施种植模式对土壤细菌多样性及群落结构的影响[J]. 中国生态农业学报,2017,25(11):1615-1625.
- [32] Navarrete I A, Tsutsuki K. Land-use impact on soil carbon, nitrogen, neutral sugar composition and related chemical properties in a degraded Ultisol in Leyte, Philippines[J]. Soil Science and Plant Nutrition,2010,54(3):321-331.



张建鹏. 化肥减量配施微生物菌肥及土壤调理剂对重茬马铃薯生长发育和土壤质量的影响[J]. 江苏农业科学, 2023, 51(7): 205–212.  
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2023.07.028

# 化肥减量配施微生物菌肥及土壤调理剂对重茬马铃薯生长发育和土壤质量的影响

张建鹏

(濮阳职业技术学院, 河南濮阳 457000)

**摘要:**为探究微生物菌肥及土壤调理剂对重茬马铃薯生长发育及土壤质量的影响,于2018—2021年通过田间定位试验,设置对照不施肥(CK)、单施化肥(T1)、化肥减量50%+微生物菌肥(T2)、化肥减量30%+微生物菌肥(T3)、化肥减量50%+微生物菌肥+土壤调理剂(T4)、化肥减量30%+微生物菌肥+土壤调理剂(T5)6个处理,研究不同施肥处理对土壤养分含量、酶活性变化和马铃薯产量、品质及生理代谢的影响。结果表明,与不施肥处理相比,不同施肥年限下各施肥处理均能够提高土壤速效养分、有机质含量及土壤酶活性,且随着施肥时间的延长,各处理表现出不同的变化,连续施肥3年后,T5处理的土壤碱解氮、速效磷、速效钾、有机质含量及土壤脲酶、碱性磷酸酶、过氧化氢酶、蔗糖酶活性较其他施肥处理分别提高2.68%~14.44%、5.15%~13.08%、3.11%~13.40%、0.31%~15.68%和10.26%~48.28%、10.81%~43.86%、4.84%~38.30%、10.29%~44.23%;T5处理的SPAD值、光合速率、蒸腾速率较其他处理分别提高4.79%~15.44%、11.29%~52.01%、11.99%~61.36%;T5处理的超氧化物歧化酶、过氧化物酶、过氧化氢酶活性较其他处理分别提高4.66%~21.71%、3.49%~14.60%、5.63%~17.60%;T5处理的粗蛋白、淀粉含量较其他处理分别提高2.19%~7.79%、3.26%~24.18%,T4处理的维生素C、还原糖含量较其他处理分别提高2.54%~13.31%、0.19%~6.46%,但与T5处理无显著性差异;各处理产量总体表现为T5>T3>T4>T2>T1>CK;相关性分析结果表明,不同施肥措施条件下土壤养分含量及酶活性的变化对马铃薯生理代谢及产量的提高具有重要的影响。综上所述,化肥减量30%与微生物菌肥及土壤调理剂配施能够改善土壤质量,促进马铃薯生长发育,提高马铃薯的产量及品质。

**关键词:**生物菌肥;土壤调理剂;土壤肥力;酶活性;马铃薯;生理特性

**中图分类号:**S156;S532.06 **文献标志码:**A **文章编号:**1002-1302(2023)07-0205-08

化肥作为速效养分能够迅速补充土壤肥力,满

足植物生长对养分的需求,近几十年来,化肥在我国粮食产量快速增长的过程中起到至关重要的作用<sup>[1-2]</sup>。然而近年来,化肥的不合理施用不仅造成肥料利用率降低,化肥增产报酬率下降,还导致土壤酸碱化加重,土壤结构改变,土壤质量退化,微生物群落失衡,农业污染源严重等<sup>[3-7]</sup>问题,严重制约了我国农业健康可持续发展,且根据农业农村部提

收稿日期:2022-06-05

基金项目:河南省教育厅2022年度河南省高等学校重点项目(编号:22B210009);河南省科技攻关项目(编号:202102110199)。

作者简介:张建鹏(1980—),男,河南开封人,硕士,讲师,主要从事园艺技术专业教学与遗传育种工作。E-mail: z1122330414@163.com。

[33]王 鹏,陈 波,张 华. 基于高通量测序的鄱阳湖典型湿地土壤细菌群落特征分析[J]. 生态学报,2017,37(5):1650–1658.

[34]赵 祥,刘红玲,杨 盼,等. 滴灌对苜蓿根际土壤细菌多样性和群落结构的影响[J]. 微生物学通报,2019,46(10):2579–2590.

[35]Kundim B A, Itou Y, Sakagami Y, et al. New haliangicin isomers, potent antifungal metabolites produced by a marine myxobacterium [J]. The Journal of Antibiotics, 2003, 56(7): 630–638.

[36]马晓霞,马晓彤,曹卫东,等. 紫云英根瘤菌的系统发育多样性

[J]. 应用与环境生物学报, 2010, 16(3): 380–384.

[37]Dean S L, Farrer E C, Taylor D L, et al. Nitrogen deposition alters plant–fungal relationships: linking belowground dynamics to aboveground vegetation change [J]. Molecular Ecology, 2014, 23(6): 1364–1378.

[38]Bell C W, Asao S, Calderon F, et al. Plant nitrogen uptake drives rhizosphere bacterial community assembly during plant growth [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2015, 85: 170–182.

[39]胡 杰,何晓红,李大平,等. 鞘氨醇单胞菌研究进展[J]. 应用与环境生物学报, 2007, 13(3): 431–437.