

陈荣荣,石新如,闫星,等.板栗堆肥理化性质与微生物种类鉴定[J].江苏农业科学,2024,52(5):208-216.

doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2024.05.031

# 板栗堆肥理化性质与微生物种类鉴定

陈荣荣<sup>1</sup>,石新如<sup>1</sup>,闫星<sup>2</sup>,贾春雷<sup>3</sup>,江泽平<sup>2</sup>,窦桂铭<sup>2</sup>,史胜青<sup>1</sup>

(1. 中国林业科学研究院林业研究所,北京 100091; 2. 中国林业科学研究院森林生态环境与自然保护所,北京 100091;

3. 唐山市有巢农业开发有限公司,河北迁西 064300)

**摘要:**为提高资源利用效率,实现栗园的可持续管理,本研究通过对栗园废弃物(栗树枝木屑、落叶、栗花、绿色杂物)分别添加鹿粪和尿素进行好氧堆肥,分析堆肥的理化性质、对堆肥过程中及堆肥结束微生物种类进行分离鉴定,分析堆肥对大豆发芽率的影响。研究发现,添加鹿粪和尿素的堆肥 pH 值偏碱性且 2 种堆肥均已充分腐熟,达到应用标准;在 2 种处理中检测到的微生物分别为 35 种和 39 种,其中有益微生物分别有 13 种和 10 种,其中共有的微生物为 6 种,分别为枯草芽孢杆菌(*Bacillus subtilis*)、解淀粉芽孢杆菌(*Bacillus amyloliquefaciens*)、短小芽孢杆菌(*Bacillus pumilus*)、地衣芽孢杆菌(*Bacillus licheniformis*)、构巢曲霉(*Aspergillus nidulans*)、深绿木霉(*Trichoderma atroviride*),均为有益菌,能够促进植物生长或抵抗病原菌。此外,堆肥浸提液对大豆种子萌发无明显抑制现象,可施用于田间实现资源利用。因此,本研究中尿素及鹿粪堆肥均已达到腐熟,含有多种有益菌,可以施用于田间以提高板栗废弃物的利用,实现栗园的可持续管理。该试验为栗园废弃物堆肥技术的改良和有益微生物的发掘奠定了基础。

**关键词:**板栗废弃物;堆肥;微生物;种类鉴定

**中图分类号:**S141.4;S182

**文献标志码:**A

**文章编号:**1002-1302(2024)05-0208-08

栗别称板栗,属壳斗科(Fagaceae)栗属(*Castanea*)坚果类植物,是我国广泛栽培的经济林树种,栽培面积约 186.67 万  $\text{hm}^2$ <sup>[1]</sup>。然而,栗园经营过程中大量化肥以及除草剂的使用导致土壤退化严重,土壤微生物多样性显著降低<sup>[2]</sup>。集约经营 10 年的栗园土壤中水溶氮和全氮含量显著下降,微生物的群落丰富度明显高于复合肥处理<sup>[3-5]</sup>。此外,随着我国经济的快速发展,农村电能、天然气、太阳能逐渐普及应用,替代了传统的秸秆、柴草等能源<sup>[6]</sup>。这导致板栗产区秋冬后修剪枝条、落叶、空蓬等废弃物大量堆积田间,不仅造成资源浪费,也容易引发火灾。因此,开展栗园废弃物堆肥处理和利用研究,对提高板栗产区生物质资源化利用率以及微生物多样性具有重要的实践意义。

堆肥是有机固体废弃物在微生物作用下充分腐熟的过程,包括升温期、高温期、降温期和腐熟期<sup>[7-8]</sup>。目前国内外对堆肥的研究主要集中在对畜禽粪便、秸秆、园林废弃物的利用以及工业垃圾的应用方面,很少有研究板栗废弃物的堆肥过程及其对植物生长的影响<sup>[9-10]</sup>。且以往对堆肥的研究主要集中在堆肥的理化性质及对土壤的影响方面<sup>[11]</sup>。近年来,随着微生物研究的兴起,国内外研究开始聚焦在堆肥过程中微生物种类和功能以及微生物菌剂对堆肥的影响<sup>[12]</sup>。大部分堆肥微生物的研究主要集中在微生物属水平上及相对丰度的变化,很少聚焦到某一特定微生物的功能<sup>[13-14]</sup>。其中,嗜温期以好氧性菌群为主,如芽孢杆菌属(*Bacillus*)、假单胞菌属(*Pseudomonas*)、棒状杆菌属(*Corynebacterium*)等<sup>[15]</sup>。嗜热期会产生决定堆肥效率的关键菌群,如高温双歧菌属(*Thermobifida*)、曲霉属(*Aspergillus*)、芽孢杆菌属等;降温期和腐熟期的优势菌群主要为芽孢杆菌属、链霉菌属(*Streptomyces*)、新鞘氨醇杆菌属(*Novosphingobium*)、棒状杆菌属等<sup>[16]</sup>。Ventorino 等对板栗废弃物堆肥中主要微生物的鉴定表明,主要微生物类群属于已知可降解木质纤维材料的属<sup>[17]</sup>。宋影对板栗废弃物堆肥研究发现,当板栗空蓬落叶:栗蘑菌渣:鸡

收稿日期:2023-04-26

基金项目:河北省重点研发计划(编号:20326508D-3);国家重点研发计划子课题(编号:2020YFD1000702-4)。

作者简介:陈荣荣(2000—),女,山东枣庄人,硕士研究生,研究方向为植物抗逆分子生物学。E-mail:14763202472@163.com。

通信作者:窦桂铭,博士,研究员,博士生导师,研究方向为调控寄主免疫防御和诱导抗性防控林业重大病害,E-mail:dougmg@caf.ac.cn;石新如,硕士研究生,研究方向林木抗逆机制,E-mail:shixinru2020@163.com。

粪比为 4 : 2 : 4 时,能显著提高速效养分含量和有机质含量,改善土壤结构和提高土壤保水性,对板栗增产效果最显著<sup>[18]</sup>。

然而,目前还未见对板栗废弃物堆肥中微生物种类进行研究的报道。因此,本研究在成熟的堆肥技术的基础上,拟以板栗废弃物(修剪树枝、落叶、新生萌条、杂草)为原料,分别添加鹿粪和尿素进行堆肥发酵,分析堆肥过程中微生物种类变化以及堆肥的理化性质,以及堆肥对黄豆发芽的影响,为提高栗园废弃物资源化利用奠定基础。

### 1 材料与方法

#### 1.1 堆肥原料

堆肥原料为粉碎的栗树枝木屑、落叶、栗花、绿色杂物(新生萌条和主要杂草,切成 15 ~ 20 cm 小段)以及鹿粪和尿素。处理 1 为添加鹿粪堆肥(LF),原料配比是 30% 木屑 + 20% 落叶 + 10% 栗花 + 20% 绿色杂物 + 20% 鹿粪;处理 2 为添加尿素堆肥(NS),原料配比是将处理 1 的鹿粪替换为添加尿素(木屑质量的 5%)。

#### 1.2 堆肥方法

堆肥地点在位于河北省迁西县汉儿庄镇杨家峪村的国家板栗公园。利用栗枝搭建 4 个堆肥围栏:底宽 1.8 m,高 1.5 m,长 1.8 m,分别各用 2 个添加鹿粪和尿素处理。堆肥时间从 2020 年 7 月 30 日开始至 11 月中旬结束,期间根据监测温度进行翻堆。分别在堆肥发酵中期和堆肥结束时采集样品,每个围栏采集 3 个点,带回实验室暂时 4 ℃ 保存。一部分用于微生物分离和鉴定,另一部分用于土壤理化性质测定。

#### 1.3 指标测定方法

1.3.1 理化性质分析 pH 值、电导率(EC 值)测量:堆肥样品风干过 1 mm 筛,称取 10 g 风干样,按样品:蒸馏水 = 1 g : 10 mL 进行浸提,振荡 20 min 后过滤。然后,滤液分别用酸碱度测量仪和台式电导率仪直接测量。

堆肥样品中全氮含量采用凯氏定氮法测定<sup>[19]</sup>;总有机碳含量采用重铬酸钾氧化,比色法测定;土壤有机质含量采用土壤有机碳 × 1.724 计算<sup>[20]</sup>。碳氮比(C/N)比为二者的比值<sup>[21]</sup>。

1.3.2 微生物分析 堆肥中细菌和真菌的分离采用梯度稀释平板法,培养基分别是 LB (Luria - Bertani)培养基和麦芽提取物琼脂(MEA)培养基。

细菌和真菌分离纯化后,采用 CTAB(十六烷基三甲基溴化铵)法提取 DNA,并在 1% 琼脂糖凝胶电泳检测。利用 16S rDNA 通用引物 27F(5' - AGAGTTT GATCATGGCTCAG - 3')与 1492R(5' - TACGGTTA CCTTGTTACGACTT - 3')、ITS 通用引物 ITS1(5' - T CCGTAGGTGAACCTGCGG - 3')与 ITS4(5' - TCCTC CGCTTATTGATATGC - 3')进行 PCR 扩增,电泳检测后送生工生物工程(上海)股份有限公司进行测序。通过 BLAST 对各序列进行比对,鉴定细菌或真菌种类<sup>[22]</sup>。

1.3.3 种子萌发测试 称取 10 g 风干样,按样品:蒸馏水 = 1 g : 10 mL 进行浸提,振荡 20 min 后过滤。在培养皿内铺入相应大小的滤纸 1 张,分别放入 10 粒颗粒饱满、大小接近的大豆种子,用移液管吸取 10 mL 堆肥浸提液于培养皿中,以蒸馏水作为对照,每个样品重复 3 次。培养皿在 25 ℃ 下孵化 48 h 后,测定幼苗的芽长(BL)和种子发芽率(SGP)。以去离子水润湿的植物的 BL 和 SGP 作对照。发芽指数(GI)根据以下公式确定  $GI = (\text{样品处理的发芽率} / \text{样品处理的平均根长}) / (\text{空白的发芽率} / \text{空白样品处理的平均根长}) \times 100\%$ <sup>[23]</sup>。

#### 1.4 数据处理

采用 SPSS 16.0 统计软件进行统计分析。利用单因素方差分析(one - way ANOVA)和最小显著性差异(LSD)检验计算差异显著性,显著性水平设定为 0.05。

### 2 结果与分析

#### 2.1 堆肥原料的理化性质

对堆肥原料的理化性质进行分析(表 1)发现,堆肥原料中木屑全氮含量最低,全氮主要来自于鹿粪;落叶中有机碳和有机质含量最低,木屑、栗花和萌条中有机碳及有机质含量较高;鹿粪中 C/N 最低,为 15.15,木屑中 C/N 最高,达到 98.59,而落叶中 C/N 最适宜,接近 26 : 1。

表 1 堆肥原料的基本性质

堆肥原料	全氮含量 (g/kg)	有机碳含量 (g/kg)	有机质含量 (g/kg)	C/N
木屑	4.91 ± 0.31e	480.10 ± 6.50a	827.70 ± 11.23a	98.59 ± 6.94a
落叶	13.98 ± 0.09d	387.70 ± 10.81c	668.43 ± 10.74c	27.73 ± 0.58b
栗花	18.81 ± 0.40c	465.83 ± 3.53a	803.10 ± 6.07a	24.79 ± 0.61bc
萌条	22.11 ± 0.42bc	482.47 ± 3.09a	831.80 ± 3.07a	21.84 ± 0.39bc
杂草	22.32 ± 1.68b	435.5 ± 9.36b	750.80 ± 9.30b	19.69 ± 1.20bc
鹿粪	28.18 ± 0.43a	426.87 ± 5.32b	735.9 ± 9.16b	15.15 ± 0.05c

注:同列数据后不同小写字母表示处理间差异显著(P < 0.05)。表 2 同。

2.2 堆肥的理化性质

堆肥结束时与堆肥中期相比,全氮含量增加,有机碳、有机质含量和 C/N 均有所降低(表 2)。堆肥结束时尿素处理的总氮含量最高,有机碳和有机质含量在尿素处理的堆肥发酵过程中含量最高,其次是尿素处理的堆肥结束时;鹿粪处理的堆肥发酵

过程中 C/N 最高,其次为尿素处理的堆肥发酵过程中,但在堆肥结束时,鹿粪处理的堆肥和尿素处理的堆肥 C/N 相差不大,尿素处理的堆肥 C/N 略高一些。2 种处理堆肥结束时的 pH 值均偏碱性,鹿粪处理的堆肥更高,为 8.25,而与之相反,堆肥结束时,尿素处理的堆肥电导率值偏高,为 511.4  $\mu\text{S}/\text{cm}$ 。

表 2 堆肥的理化性质

处理	全氮含量 (g/kg)	有机碳含量 (g/kg)	有机质含量 (g/kg)	C/N	pH 值	电导率 ( $\mu\text{S}/\text{cm}$ )
LF-Z	15.7 $\pm$ 1.9b	297.2 $\pm$ 34.4ab	512.4 $\pm$ 59.2ab	19.0 $\pm$ 0.6a	—	—
LF-M	17.1 $\pm$ 0.8ab	257.2 $\pm$ 11.5b	443.4 $\pm$ 19.9b	15.1 $\pm$ 5.3c	8.3 $\pm$ 0.1	442.1 $\pm$ 9.8
NS-Z	19.1 $\pm$ 1.0ab	332.2 $\pm$ 9.5a	572.8 $\pm$ 16.4a	17.5 $\pm$ 0.7ab	—	—
NS-M	20.5 $\pm$ 0.3a	326.7 $\pm$ 5.3ab	563.2 $\pm$ 9.1ab	15.9 $\pm$ 0.2bc	7.9 $\pm$ 0.0	511.4 $\pm$ 27.3

注:LF-Z 和 NS-Z 分别为鹿粪和尿素处理堆肥中期样品;LF-M 和 NS-M 为鹿粪和尿素处理堆肥结束时样品。下表同。

2.3 堆肥过程中微生物的变化

2.3.1 细菌群落的变化 添加鹿粪堆肥中期和堆肥结束时共鉴定到 19 种细菌(表 3),分别属于厚壁菌门、变形菌门、放线菌门和其他;从属水平分类来看,分别属于芽孢杆菌属、*Chryseomicrobium*、气单胞菌属、假单胞菌属、假黄单胞菌属、*Paenarthrobacter*、链霉菌属以及其他。其中,堆肥中期细菌有 6 种,包

括枯草芽孢杆菌、沙福芽孢杆菌、地衣芽孢杆菌、短小芽孢杆菌、*P. suwonensis* 和白浅灰链霉菌。堆肥结束时细菌有 15 种,包括阿氏芽孢杆菌、枯草芽孢杆菌、特基拉芽孢杆菌、沙福芽孢杆菌、解淀粉芽孢杆菌、巨大芽孢杆菌、*C. amylolyticum*、豚鼠气单胞菌、*P. baetica*、荧光假单胞菌、摩拉维亚假单胞菌、韩国假单胞菌、*P. nicotinovorans*、*P. aurescens* 以及

表 3 鹿粪处理的堆肥发酵中期和结束时细菌分类

门	属	种	LF-M	LF-Z
厚壁菌门(Firmicutes)	芽孢杆菌属( <i>Bacillus</i> )	阿氏芽孢杆菌( <i>B. aryabhattai</i> )*	√	
		枯草芽孢杆菌( <i>B. subtilis</i> )*	√	√
		特基拉芽孢杆菌( <i>B. tequilensis</i> )*	√	
		沙福芽孢杆菌( <i>B. safensis</i> )	√	√
		解淀粉芽孢杆菌( <i>B. amyloliquefaciens</i> )*	√	
		巨大芽孢杆菌( <i>B. megaterium</i> )*	√	
		地衣芽孢杆菌( <i>B. licheniformis</i> )*		√
		短小芽孢杆菌( <i>B. pumilu</i> )*		√
	<i>Chryseomicrobium</i>	<i>C. amylolyticum</i>	√	
变形菌门(Proteobacteria)	气单胞菌属( <i>Aeromonas</i> )	豚鼠气单胞菌( <i>A. caviae</i> )	√	
	假单胞菌属( <i>Pseudomonas</i> )	<i>P. baetica</i>	√	
		荧光假单胞菌( <i>P. fluorescens</i> )	√	
		摩拉维亚假单胞菌( <i>P. moraviensis</i> )	√	
		韩国假单胞菌( <i>P. koreensis</i> )	√	
放线菌门(Actinobacteria)	假黄单胞菌属( <i>Pseudoxanthomonas</i> )	<i>P. suwonensis</i>		√
	<i>Paenarthrobacter</i>	<i>P. nicotinovorans</i>	√	
		<i>P. aurescens</i>	√	
	链霉菌属( <i>Streptomyces</i> )	白浅灰链霉菌( <i>S. albogriseolus</i> )*		√
其他	其他	不可培养细菌(uncultured bacterium)	√	

注:种名右上角\*表示该种为有益菌。下表同。

不可培养细菌。2 个阶段共有的细菌为枯草芽孢杆菌和沙福芽孢杆菌。这表明堆肥过程中细菌种类变化较大,且在堆肥结束时细菌种类有所增加。

添加尿素的堆肥中期和结束时共鉴定到 21 种细菌(表 4),分别属于厚壁菌门、变形菌门、放线菌门、拟杆菌门、其他;从属水平上看分别属于芽孢杆菌属、副球菌属、埃希氏菌属、假单胞菌属、纤维菌属、微球菌属、微杆菌属、黄杆菌属、鞘氨醇杆菌属。堆肥发酵过程中检测出细菌种类为 16 种,而堆肥结束时共检测出细菌种类为 8 种,表明尿素处理堆肥发酵过程中细菌种类有所减少。堆肥发酵过程中细菌种类分别为枯草芽孢杆菌、沙福芽孢杆菌、短小芽孢杆菌、地衣芽孢杆菌、漳州芽孢杆菌、*P. acridae*、*P. huijuniae*、大肠杆菌、恶臭假单胞菌、

丁香假单胞菌、*M. chenggongense*、气生微杆菌、*M. foliorum*、人参黄杆菌和田鞘氨醇杆菌以及不可培养细菌。堆肥结束时 8 种细菌分别为枯草芽孢杆菌、沙福芽孢杆菌、解淀粉芽孢杆菌、高地芽孢杆菌、短小芽孢杆菌、嗜气芽孢杆菌、摩拉维亚假单胞菌以及芬氏纤维微菌。2 个时间阶段共有细菌为枯草芽孢杆菌、沙福芽孢杆菌以及短小芽孢杆菌。

在鹿粪和尿素添加处理中期和结束 2 个阶段中,共检测出 33 种细菌。堆肥结束时,鹿粪处理与尿素处理相比,细菌多样性更高一些,多出 7 种细菌,相同细菌有 4 种,分别为枯草芽孢杆菌、沙福芽孢杆菌、解淀粉芽孢杆菌以及摩拉维亚假单胞菌。鹿粪和尿素堆肥中期和堆肥结束共有的菌有 2 种,分别为枯草芽孢杆菌和沙福芽孢杆菌。

表 4 尿素处理堆肥中期和结束时细菌分类

门	属	种	NS - M	NS - Z
厚壁菌门( Firmicutes )	芽孢杆菌属( <i>Bacillus</i> )	枯草芽孢杆菌( <i>B. subtilis</i> ) *	√	√
		沙福芽孢杆菌( <i>B. safensis</i> )	√	√
		解淀粉芽孢杆菌( <i>B. amyloliquefaciens</i> ) *	√	
		高地芽孢杆菌( <i>B. altitudinis</i> )	√	
		短小芽孢杆菌( <i>B. pumilus</i> ) *	√	√
		嗜气芽孢杆菌( <i>B. aerophilus</i> )	√	
		地衣芽孢杆菌( <i>B. licheniformis</i> ) *		√
		漳州芽孢杆菌( <i>B. zhangzhouensis</i> )		√
变形菌门( Proteobacteria )	副球菌属( <i>Paracoccus</i> )	<i>P. acridae</i>		√
		<i>P. huijuniae</i>		√
	埃希氏菌属( <i>Escherichia</i> )	大肠杆菌( <i>E. coli</i> )		√
	假单胞菌属( <i>Pseudomonas</i> )	恶臭假单胞菌( <i>P. putida</i> )		√
		摩拉维亚假单胞菌( <i>P. moraviensis</i> )	√	
		丁香假单胞菌( <i>P. syringae</i> )		√
放线菌门( Actinobacteria )	纤维菌属( <i>Cellulosimicrobium</i> )	芬氏纤维微菌( <i>C. funkei</i> ) *	√	
	微球菌属( <i>Micrococcus</i> )	<i>M. chenggongense</i>		√
	微杆菌属( <i>Microbacterium</i> )	气生微杆菌( <i>M. aerolatum</i> )		√
		<i>M. foliorum</i>		√
拟杆菌门( Bacteroidetes )	黄杆菌属( <i>Flavobacterium</i> )	人参黄杆菌( <i>F. ginsengisoli</i> )		√
	鞘氨醇杆菌属( <i>Sphingobacterium</i> )	和田鞘氨醇杆菌( <i>S. hotanense</i> ) *		√
其他	其他	不可培养细菌( uncultured bacterium )		√

2.3.2 真菌群落的变化 鹿粪处理的堆肥中期和结束时共鉴定出真菌为 16 种(表 5)。堆肥中期只检测出 5 种真菌,而结束时共有 13 种真菌,分别属于子囊菌门、毛霉门以及其他;从属水平来看,分别属于曲霉属、镰刀菌属、木霉属、绿僵菌属、*Albifimbria*、青霉属、枝孢属、毛霉属、其他。堆肥中期检测到真菌种类有构巢曲霉、黑曲霉、长枝木霉、

罗尔夫青霉、卷枝毛霉。堆肥结束时的真菌种类为构巢曲霉、烟曲霉、棘孢曲霉、黑曲霉、腐皮镰孢菌、平展木霉、盖姆斯木霉、深绿木霉、木雏菊木霉、金龟子绿僵菌、*A. viridis*、枝状枝孢霉、uncultured fungus。堆肥 2 个阶段共有真菌构巢曲霉和黑曲霉。

尿素处理的堆肥中期和结束时共鉴定出真菌

18 种,堆肥中期只有 6 种,堆肥结束时有 14 种(表 6)。18 种真菌中有 17 种属于子囊菌门,仅 1 种属于担子菌门。从属水平上看,18 种真菌分别来自曲霉属、木霉属、青霉属、*Lomentospora*、棒囊壳、*Paraphaeosphaeria*、*Asterodon*。堆肥中期真菌为塔宾曲霉、构巢曲霉、*A. tabacinus*、*L. prolificans*、*C. sepedonium*、*P. areacearum*。堆肥结束时真菌为日本曲霉、聚多曲霉、塔宾曲霉、毛簇木霉、绿木霉、

拟康宁木霉、*T. sulphureum*、深绿木霉、木雏菊木霉、非洲哈茨木霉、*P. glabrum*、草酸青霉、*L. prolificans*、*A. ferruginosus*。堆肥 2 个均检测到的真菌种类为塔宾曲霉和 *L. prolificans* 2 种。  
在鹿粪和尿素处理中期和结束 2 个阶段中,共检测到 31 种真菌。堆肥结束时,鹿粪处理堆肥与尿素处理的相比少 1 种真菌,共有真菌为深绿木霉、木雏菊木霉。

表 5 鹿粪处理堆肥中期和结束时真菌分类

门	属	种	LF - M	LF - Z
子囊菌门(Ascomycota)	曲霉属( <i>Aspergillus</i> )	构巢曲霉( <i>A. nidulans</i> ) *	√	√
		烟曲霉( <i>A. fumigatus</i> )	√	
		棘孢曲霉( <i>A. aculeatus</i> )	√	
		黑曲霉( <i>A. niger</i> )	√	√
	镰刀菌属( <i>Fusarium</i> )	腐皮镰孢菌( <i>F. solani</i> )	√	
	木霉属( <i>Trichoderma</i> )	平展木霉( <i>T. effusum</i> ) *	√	
		盖姆斯木霉( <i>T. gamsii</i> ) *	√	
		深绿木霉( <i>T. atroviride</i> ) *	√	
		木雏菊木霉( <i>T. scalesiae</i> )	√	
	绿僵菌属( <i>Metarhizium</i> )	长枝木霉( <i>T. longibrachiatum</i> )		√
		金龟子绿僵菌( <i>M. anisopliae</i> ) *	√	
		<i>A. viridis</i>	√	
	青霉属( <i>Penicillium</i> )	罗尔夫青霉( <i>P. rolsii</i> )		√
	枝孢属( <i>Cladosporium</i> )	枝状枝孢霉( <i>C. cladosporioides</i> )	√	
毛霉门(Mucoromycota)	毛霉属( <i>Mucor</i> )	卷枝毛霉( <i>M. circinelloides</i> )		√
其他	其他	不可培养真菌(uncultured fungus)	√	

表 6 尿素处理堆肥结束和堆肥发酵过程中真菌分类

门	属	种	NS - M	NS - Z
子囊菌门(Ascomycota)	曲霉属( <i>Aspergillus</i> )	日本曲霉( <i>A. japonicus</i> )	√	
		聚多曲霉( <i>A. sydowii</i> )	√	
		塔宾曲霉( <i>A. tubingensis</i> ) *	√	√
		构巢曲霉( <i>A. nidulans</i> ) *		√
		<i>A. tabacinus</i>		√
	木霉属( <i>Trichoderma</i> )	毛簇木霉( <i>T. velutinum</i> )	√	
		绿木霉( <i>T. virens</i> )	√	
		拟康宁木霉( <i>T. koningiopsis</i> )	√	
		<i>T. sulphureum</i>	√	
		深绿木霉( <i>T. atroviride</i> ) *	√	
		木雏菊木霉( <i>T. scalesiae</i> )	√	
		非洲哈茨木霉( <i>T. afroharzianum</i> )	√	
		<i>P. glabrum</i>	√	
		草酸青霉( <i>P. olsonii</i> ) *	√	
	<i>Lomentospora</i>	<i>L. prolificans</i>	√	√
	棒囊壳属( <i>Corynascus</i> )	<i>C. sepedonium</i>		√
	<i>Paraphaeosphaeria</i>	<i>P. areacearum</i>		√
担子菌门(Basidiocyota)	<i>Asterodon</i>	<i>A. ferruginosus</i>	√	

2.4 堆肥对种子发芽势的影响

大豆种子在鹿粪和尿素添加的 2 种堆肥浸提液中处理 48 h 和 72 h 时,与对照相比,芽长和发芽率均无显著差异(表 7),表明 2 种堆肥对大豆种子萌发无抑制作用。当  $GI > 50\%$  时,表示堆肥基本腐熟,对植物基本无毒性;当  $GI > 80\%$  时,表示堆肥完全腐熟,对植物完全无毒性, $GI$  相对越高,堆肥成品品质越高,本研究中 2 种堆肥处理的大豆种子发芽指数均超过了 80%,表明堆肥均已充分腐熟。

表 7 堆肥浸提液对大豆种子萌发的影响

处理	48 h 处理			72 h 处理		
	BL (cm)	SGP (%)	GI (%)	BL (cm)	SGP (%)	GI (%)
NS	0.72	53.33	93.87	1.48	78.33	160.00
LF	0.85	65.00	181.83	1.46	85.00	270.00
CK	0.79	55.00		1.26	75.00	

3 讨论与结论

3.1 堆肥的理化性质

堆肥过程中 pH 值的变化不仅影响微生物水平和堆肥进程,还影响酶活性和生物反应速度<sup>[24-25]</sup>。根据 NY/T 3442—2019《畜禽粪便堆肥技术规范》及 NY 525—2021《有机肥料》可知,堆肥合理 pH 值范围应在 5.5~8.5 之间,最佳范围为 6.5~8.0。本研究中添加鹿粪和尿素的堆肥 pH 分别为 8.3 和 7.9 左右,符合堆肥应用规范,但添加鹿粪的 pH 值略高于最佳范围,可能是由于粪便中大量的金属离子增加了堆肥中离子浓度和阳离子交换量,从而使 pH 值升高<sup>[26-28]</sup>。此外,电导率(EC 值)反映了有机物的降解和矿化,能够反映堆肥浸提液中可溶性盐含量,当堆肥中 EC 值大于 4 000  $\mu\text{S}/\text{cm}$  时会对植物生长造成抑制<sup>[29-30]</sup>。本研究中 EC 值分别为 442.1、511.4  $\mu\text{S}/\text{cm}$ ,低于 4 000  $\mu\text{S}/\text{cm}$ ,表明不会对作物造成盐害。

目前,堆肥 C/N 的最佳范围尚未确定,一般认为,堆肥过程的理想初始 C/N 为 20~35,当 C/N 降到 20 以下表示堆肥已腐熟。堆肥中 C/N 过高会引起植物“氮饥饿”,导致有机物分解缓慢,土壤能源过多,不利于植物生长;反之会导致“烧苗”。本研究中 2 种堆肥 C/N 均低于 20,表明已符合标准<sup>[31]</sup>。

3.2 堆肥的微生物群落

2 种堆肥中真菌微生物群落分别属于子囊菌

门、毛霉门、担子菌门,子囊菌门为优势门类,这一结果与 Zhang 等的研究结果<sup>[32-33]</sup>一致。曲霉属(8 个种)和木霉属(10 个种)是 2 种堆肥鉴定的主要菌属,占检测到总真菌数量的一半。在所鉴定的 31 种真菌中有 6 种有益菌,具有促进植物生长、抗病毒、破坏植物病原菌的拮抗作用<sup>[34-38]</sup>。草酸青霉不仅具有溶磷作用,降解农药减轻土壤污染,而且能够高效分泌降解木质纤维素的酶,青霉生长速度快而且产酶较全,能显著提高工业化生产效率<sup>[39-42]</sup>。塔宾曲霉菌是一种新型的解磷真菌,解磷能力一般为细菌的 10 倍,且不易失去解磷活性,对盐碱地的小麦幼苗生长有明显的促进作用,可作为一种盐碱地新型生物菌肥<sup>[43-44]</sup>。此外,有些真菌对植物生长具有积极作用,但在特定环境下会引发病害或使植物腐烂,如烟曲霉、腐皮镰孢菌、黑曲霉等可以引起植物不同部位发生腐烂<sup>[45-46]</sup>;枝状枝孢可引起植物病害<sup>[47]</sup>; *L. prolificans* 可使动物染病<sup>[48-49]</sup>,棘孢曲霉为海南产红毛丹果实褐斑病的主要致病菌<sup>[50]</sup>。但本研究中还有一部分真菌尚未查询到具体功能研究。

堆肥样品中细菌微生物群落总共有 15 个属 33 种细菌,分别属于厚壁菌门、变形菌门、放线菌门、拟杆菌门。这与王建才等的研究结果<sup>[51-52]</sup>一致。本研究鉴定细菌中有 9 种有益菌,具有抑制病原菌、控制土传病害,以及高效分泌多种蛋白及其代谢产物、根际促生菌等作用<sup>[53-56]</sup>。芬氏纤维微菌具有减轻番茄 Cr 毒性、降解增塑剂的作用<sup>[57-58]</sup>;解淀粉芽孢杆菌是一种与枯草芽孢杆菌亲缘性很高的细菌,能够产生多种抑菌物质,广泛的抑制细菌和真菌,能有效防治马铃薯赤霉病、小麦黄花叶病、大豆疫病等多种病害,具有很好的应用前景<sup>[59-63]</sup>;阿氏芽孢杆菌为一种高效的解硅菌株,而嗜气芽孢杆菌具有氧化和分解石油的能力<sup>[64]</sup>。在堆肥样品中,还发现了几种有害菌,如豚鼠气单胞菌为水产养殖动物常见致病菌<sup>[65]</sup>,丁香假单胞菌为常见的革兰氏阴性的植物病原菌,分布地区广泛,并且能感染多种经济农作物如玉米、烟草、番茄和豆科等,被普遍认为是世界上最主要的植物细菌病原体之一<sup>[66-67]</sup>。

3.3 堆肥对大豆生长的影响

堆肥能够在土壤中安全使用的基础是堆肥的稳定性 and 堆肥的成熟度,堆肥的稳定性与微生物活性有关,而堆肥的成熟度则与堆肥的生长潜力或植物毒性相关<sup>[68]</sup>。发芽指数是堆肥的活力指标,表示

堆肥的毒性水平,是堆肥成熟和稳定的标志,目前种子的发芽试验被认为是最可靠的评价堆肥腐熟度的指标<sup>[69]</sup>。发芽指数能够反映堆肥的植物毒性,当其大于 50% 时表明堆肥已达到腐熟,达到 80% 时表明堆肥已经完全腐熟<sup>[70-71]</sup>。本研究中堆肥浸提液处理大豆种子后发芽指数大于 80%,表明已经达到完全腐熟。堆肥的成熟度和稳定性通常可以互换使用,二者之间是同时进行的,堆肥的毒性物质通常是由堆肥中的不稳定微生物产生的,因此不能单一地通过某种指标对堆肥效果进行评价,而要综合多种因素。

本研究结果表明,添加鹿粪和尿素处理的堆肥已经充分腐熟,pH 值显碱性,C/N 符合堆肥标准,对大豆种子萌发未见显著影响。在堆肥中期和腐熟阶段共鉴定出 64 种微生物,真菌类群中子囊菌门为主要门类,细菌中厚壁菌门、放线菌门、变形菌门为主要门类,总共包括 16 种有益菌,其中大部分为根际促生菌。本研究不仅为后续栗园废弃物堆肥发酵技术的优化和改善提供基础,还可从中发掘有益菌用于腐熟或抗菌剂的研发和利用。

#### 参考文献:

- [1] 韩元顺,许林云,周杰. 中国板栗产业与市场发展现状及趋势[J]. 中国果树,2021(4):83-88.
- [2] 吴静,陈岩岩,叶项宇,等. 除草剂草甘膦对板栗根际土壤微生物多样性的影响[J]. 经济林研究,2019,37(3):161-167,187.
- [3] 盛卫星. 集约经营板栗林土壤水溶性有机氮、碳研究[D]. 杭州:浙江林学院,2009.
- [4] 徐秋芳,姜培坤,邬奇峰,等. 集约经营板栗林土壤微生物量碳与微生物多样性研究[J]. 林业科学,2007,43(3):15-19.
- [5] 陈琳,谷洁,胡婷,等. 生物有机肥对板栗土壤微生物群落代谢活性的影响[J]. 应用生态学报,2013,24(6):1627-1632.
- [6] 张双奇,邓梦思,单明,等. 基于秸秆露天焚烧量的北方农村地区秸秆成型燃料替代采暖散煤节能减排研究[J]. 农业环境科学学报,2017,36(12):2506-2514.
- [7] 陶勇,湛光辉,唐铄松. 添加苹果渣对猪粪好氧堆肥理化性质的影响[J]. 中国土壤与肥料,2019(5):135-140.
- [8] 许修宏,门梦琪,孟庆欣,等. 牛粪好氧堆肥中真菌群落组成的动态特征[J]. 东北农业大学学报,2019,50(4):45-53.
- [9] Silva J D C, Leal T T B, Araújo A S F, et al. Effect of different tannery sludge compost amendment rates on growth, biomass accumulation and yield responses of *Capsicum plants* [J]. Waste Management,2010,30(10):1976-1980.
- [10] Rossini - Oliva S, Mingorance M D, Peña A. Effect of two different composts on soil quality and on the growth of various plant species in a polymetallic acidic mine soil[J]. Chemosphere,2017,168:183-190.
- [11] 牛俊玲. 堆肥中高效降解纤维素-林丹复合菌系的构建及应用[D]. 北京:中国农业大学,2005.
- [12] 蔡瑞,徐春城. 堆肥用微生物及其效果研究进展[J]. 中国土壤与肥料,2019(5):1-7.
- [13] 康健. 畜禽粪便堆肥过程中物质转化和微生物种群演变规律及酶活性机理研究[D]. 兰州:兰州理工大学,2019.
- [14] 孟庆欣. 牛粪玉米秸秆堆肥中微生物群落演替及互作关系研究[D]. 哈尔滨:东北农业大学,2020.
- [15] 丁文川,李宏,郝以琼,等. 污泥好氧堆肥主要微生物类群及其生态规律[J]. 重庆大学学报(自然科学版),2002,25(6):113-116.
- [16] 陆晓林,戴传超,贾永. 堆肥过程中优势功能微生物菌群多样性及其影响因素[J]. 生态学杂志,2019,38(9):2866-2874.
- [17] Ventrino V, Parillo R, Testa A, et al. Chestnut green waste composting for sustainable forest management: microbiota dynamics and impact on plant disease control[J]. Journal of Environmental Management,2016,166:168-177.
- [18] 宋影. 板栗剩余物堆肥及其对板栗幼苗生长和果实提质增产作用机理研究[D]. 北京:北京林业大学,2019.
- [19] 刘金凤,于晓菲,田静,等. 肥料中总氮含量的测定方法[J]. 中国果菜,2021,41(3):72-75.
- [20] 李国傲,陈雪,孙建伶,等. 土壤有机碳含量测定方法评述及最新研究进展[J]. 江苏农业科学,2017,45(5):22-26.
- [21] 张文浩,门梦琪,许本姝,等. 牛粪稻秸新型静态堆肥中真菌群落组成的动态特征[J]. 农业环境科学学报,2018,37(9):2029-2036.
- [22] 曹云,常志州,黄红英,等. 畜禽粪便堆肥前期理化及微生物性状研究[J]. 农业环境科学学报,2015,34(11):2198-2207.
- [23] Wang G Y, Yang Y, Kong Y L, et al. Key factors affecting seed germination in phytotoxicity tests during sheep manure composting with carbon additives[J]. Journal of Hazardous Materials,2022,421:126809.
- [24] 杨玉欣. 蔬菜残体堆肥化过程中理化性质和酶活性的动态变化[D]. 杨凌:西北农林科技大学,2019.
- [25] Zhang L, Sun X Y. Evaluation of maifanite and silage as amendments for green waste composting[J]. Waste Management,2018,77:435-446.
- [26] 商和平,李洋,张涛,等. 畜禽粪便有机肥中 Cu、Zn 在不同农田土壤中的形态归趋和有效性动态变化[J]. 环境科学,2015,36(1):314-324.
- [27] 贾武霞. 畜禽粪便施用对土壤中重金属累积及植物有效性影响研究[D]. 北京:中国农业科学院,2016.
- [28] 张霞,潘孝青,李健,等. 兔粪与中药渣低碳氮比堆肥理化性质变化特征[J]. 江苏农业学报,2020,36(6):1459-1467.
- [29] 罗渊,袁京,李国学,等. 种子发芽试验在低碳氮比堆肥腐熟度评价方面的适用性[J]. 农业环境科学学报,2016,35(1):179-185.
- [30] 王国英,袁京,孔艺霖,等. 堆肥种子发芽指数测定方法与敏感性种子筛选[J]. 农业工程学报,2021,37(19):220-227.
- [31] 胡红伟,李吕木,钱坤,等. 发酵菌剂接种量对堆肥理化性质和有关酶活的影响[J]. 农业环境科学学报,2013,32(6):

- 1261 – 1270.
- [32] Zhang J C, Zeng G M, Chen Y N, et al. Effects of physico – chemical parameters on the bacterial and fungal communities during agricultural waste composting[J]. *Bioresource Technology*, 2011, 102(3): 2950 – 2956.
- [33] Meng Q X, Yang W, Men M Q, et al. Microbial community succession and response to environmental variables during cow manure and corn straw composting[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2019, 10: 529.
- [34] Zhao J, Liu T, Liu W C, et al. Transcriptomic insights into growth promotion effect of *Trichoderma afroharzianum* TM2 – 4 microbial agent on tomato plants[J]. *Journal of Integrative Agriculture*, 2021, 20(5): 1266 – 1276.
- [35] Zhang J, He L, Guo C, et al. Evaluation of *Aspergillus aculeatus* GC – 09 for the biological control of citrus blue mold caused by *Penicillium italicum* [J]. *Fungal Biology*, 2022, 126(3): 201 – 212.
- [36] Stummer B E, Zhang X J, Yang H T, et al. Co – inoculation of *Trichoderma gamsii* A5MH and *Trichoderma harzianum* Tr906 in wheat suppresses in planta abundance of the crown rot pathogen *Fusarium pseudograminearum* and impacts the rhizosphere soil fungal microbiome[J]. *Biological Control*, 2022, 165: 104809.
- [37] Sharma R, Magotra A, Manhas R S, et al. Antagonistic potential of a psychrotrophic fungus: *Trichoderma velutinum* ACR – P1 [J]. *Biological Control*, 2017, 115: 12 – 17.
- [38] González – Pérez E, Ortega – Amaro M A, Bautista E, et al. The entomopathogenic fungus *Metarhizium anisopliae* enhances *Arabidopsis*, tomato, and maize plant growth [J]. *Plant Physiology and Biochemistry*, 2022, 176: 34 – 43.
- [39] 赵仁邦, 靳存华, 刘卫华. 草酸青霉 ZHJ6 固定化后对甲胺磷农药降解的影响[J]. *中国农学通报*, 2012, 28(26): 247 – 251.
- [40] 何 迪. 草酸青霉菌 HB1 溶磷能力及其生物效应研究[D]. 保定: 河北农业大学, 2018.
- [41] 杨天佑, 李林波, 田 静, 等. 草酸青霉 YTY 及其突变体解磷能力、pH 和分泌有机酸的关系[J]. *应用生态学报*, 2021, 32(12): 4429 – 4438.
- [42] 叶斌晖, 罗亚婷, 龙碧波, 等. 草酸青霉 SL2 对高浓度铬污染土壤的生物淋洗及胞内铬形态转化研究[J]. *环境科学学报*, 2018, 38(7): 2825 – 2832.
- [43] 杜 健. 草酸青霉纤维素酶系降解木质纤维素效率提高策略的研究[D]. 济南: 山东大学, 2018.
- [44] 李学平, 谢文军, 范延辉. 盐碱地塔宾曲霉菌的解磷能力及其对小麦生长的影响[J]. *水土保持通报*, 2017, 37(1): 93 – 96.
- [45] Kucey R M N. Phosphate – solubilizing bacteria and fungi in various cultivated and virgin Alberta soils [J]. *Canadian Journal of Soil Science*, 1983, 63(4): 671 – 678.
- [46] 王 杰, 刘焕成, 田 甜, 等. 东北油豆腐皮镰孢菌根腐病拮抗芽孢杆菌的筛选与鉴定[J]. *北方园艺*, 2021(5): 15 – 20.
- [47] 张中义. 中国真菌志: 第十四卷 枝孢属 黑星孢属 犁孢属 [M]. 北京: 科学出版社, 2003: 14 – 74.
- [48] Boan P, Pang S, Gardam D J, et al. Investigation of a *Lomentospora prolificans* case cluster with whole genome sequencing[J]. *Medical Mycology Case Reports*, 2020, 29: 1 – 4.
- [49] Seidel D, Hassler A, Salmanton – García J, et al. Invasive *Scedosporium* spp. and *Lomentospora prolificans* infections in pediatric patients: analysis of 55 cases from FungiScope® and the literature[J]. *International Journal of Infectious Diseases*, 2020, 92: 114 – 122.
- [50] 李燕妮, 李芬芳, 陈 娇, 等. 芥末精油包合物对棘孢曲霉的抑菌机理[J]. *食品科学*, 2021, 42(21): 63 – 71.
- [51] 王建才, 朱荣生, 刘兴华, 等. 微生物菌剂对猪粪堆肥中细菌群落结构的影响[J]. *应用生态学报*, 2020, 31(7): 2449 – 2456.
- [52] 苏鹏伟, 罗 瑾, 狄亚鹏, 等. 牛粪堆肥中细菌群落结构变化及与理化因子的相关性[J]. *山西农业科学*, 2021, 49(11): 1317 – 1323.
- [53] Li J, Du C W, Liu Z Y, et al. Extracellular electron transfer routes in microbiologically influenced corrosion of X80 steel by *Bacillus licheniformis* [J]. *Bioelectrochemistry*, 2022, 145: 108074.
- [54] Jiang M, Li Q X, Hu S Y, et al. Enhanced aerobic denitrification performance with *Bacillus licheniformis* via secreting lipopeptide biosurfactant lichenysin [J]. *Chemical Engineering Journal*, 2022, 434: 134686.
- [55] 张 猛, 王 琼, 冯发运, 等. 稻壳生物炭搭载特基拉芽孢杆菌防治西瓜枯萎病[J]. *江苏农业学报*, 2019, 35(6): 1308 – 1315.
- [56] 赵 倩, 任广伟, 王 杰, 等. 施用韩国假单胞菌 (*Pseudomonas koreensis*) CLP – 7 对连作烟田土壤质量及微生物群落功能多样性的影响[J]. *生态学报*, 2020, 40(15): 5357 – 5366.
- [57] Karthik C, Kadirvelu K, Bruno B, et al. *Cellulosimicrobium funkei* strain AR6 alleviate Cr( VI) toxicity in *Lycopersicon esculentum* by regulating the expression of growth responsible, stress tolerant and metal transporter genes [J]. *Rhizosphere*, 2021, 18: 100351.
- [58] Kanaujiya D K, Pakshirajan K. Mass balance and kinetics of biodegradation of endocrine disrupting phthalates by *Cellulosimicrobium funkei* in a continuous stirred tank reactor system [J]. *Bioresource Technology*, 2022, 344: 126172.
- [59] 王 蕊, 王 腾, 李二峰. 生防芽孢杆菌在植物病害领域的研究进展[J]. *天津农学院学报*, 2021, 28(4): 71 – 77.
- [60] 张 娟, 杨彩梅, 曹广添, 等. 解淀粉芽孢杆菌及其作为益生菌的应用[J]. *动物营养学报*, 2014, 26(4): 863 – 867.
- [61] 曹晶晶. 解淀粉芽孢杆菌对小麦黄花叶病的生物防治研究 [D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2015.
- [62] 刘 冬. 解淀粉芽孢杆菌与枯草芽孢杆菌对大豆疫病的生防作用及其机理研究[D]. 合肥: 安徽农业大学, 2019.
- [63] Cui L X, Yang C D, Wang Y Y, et al. Potential of an endophytic bacteria *Bacillus amyloliquefaciens* 3 – 5 as biocontrol agent against potato scab [J]. *Microbial Pathogenesis*, 2022, 163: 105382.
- [64] Mohanram R, Jagtap C, Kumar P. Isolation, screening, and characterization of surface – active agent – producing, oil – degrading marine bacteria of Mumbai Harbor [J]. *Marine Pollution Bulletin*, 2016, 105(1): 131 – 138.
- [65] Sherpa M T, Bag N, Das S, et al. Isolation and characterization of plant growth promoting rhizobacteria isolated from organically grown



刘 冲,洪立洲,郁 凯,等. 利于苏北沿海滩涂土壤有机碳固定的绿肥粉垄耦合种植模式研究 [J]. 江苏农业科学,2024,52(5):216-221.  
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2024.05.032

# 利于苏北沿海滩涂土壤有机碳固定的绿肥粉垄耦合种植模式研究

刘 冲<sup>1</sup>,洪立洲<sup>1</sup>,郁 凯<sup>1</sup>,董 静<sup>1</sup>,陈环宇<sup>1</sup>,彭 昊<sup>2</sup>,卢明海<sup>3</sup>,邢锦城<sup>1</sup>

(1. 江苏沿海地区农业科学研究所,江苏盐城 224002; 2. 江苏省沿海开发集团有限公司,江苏南京 210000;

3. 盐城市农业水利发展投资集团有限公司,江苏盐城 224002)

**摘要:**为探索利于苏北沿海滩涂土壤有机碳固定的绿肥粉垄耦合种植模式,在苏北沿海滩涂设置:裸地+常规深耕(15 cm)(对照)、裸地+粉垄(20 cm)、裸地+粉垄(30 cm)、裸地+粉垄(40 cm)、种植苕子+常规深耕翻压(15 cm)、种植苕子+粉垄翻压(20 cm)、种植苕子+粉垄翻压(30 cm)、种植苕子+粉垄翻压(40 cm) 8 种植模式试验,研究对比 8 种植模式土壤有机碳固定表现以及下季玉米产量。结果表明:粉垄耕作降低了沿海滩涂土壤容重,提高了土壤>2.00 mm、>0.25~2.00 mm 粒级土壤团聚体质量百分数,降低了 0.05~0.25 mm、<0.05 mm 粒级团聚体质量百分数。粉垄耕作可使沿海滩涂土壤物理结构,尤其是大团聚体结构得以有效改善。绿肥粉垄耦合模式下,土壤养分及可溶性有机碳、活性有机碳含量显著提高,土壤碳库指数、碳库活度指数和碳库管理指数显著上升,土壤>2.00 mm、>0.25~2.00 mm 粒级土壤团聚体质量百分数提高,0.05~0.25 mm、<0.05 mm 粒级团聚体质量百分数降低,且各粒级团聚体中有机碳含量、>2.00 mm、>0.25~2.00 mm 团聚体中有机碳贡献率显著提高,玉米产量显著增加,其中,种植苕子+粉垄翻压(30 cm)模式可较大程度地结合绿肥提供有机碳,粉垄耕作改善土壤物理结构的优势,最有利于滩涂土壤有机碳的积累、固定以及玉米产量的增加,从而达到改善沿海滩涂土壤碳封存、提高滩涂土壤耕地质量、实现沿海滩涂地区增产增收的目的。该模式操作简单、见效快,可在苏北沿海滩涂区域推广使用。

**关键词:**沿海滩涂;绿肥;粉垄;有机碳固定

**中图分类号:**S152.4;S158.3 **文献标志码:**A **文章编号:**1002-1302(2024)05-0216-06

江苏省沿海滩涂资源丰富,海岸线近 1 000 km,苏北沿海地区拥有我国 1/4 以上的滩涂面积<sup>[1]</sup>。

但沿海滩涂土壤具有高盐分、低养分、高矿化度等特点,且土壤板结、质地较差,难以维持一般作物正常生长发育。维护和提高沿海滩涂土壤质量对保障粮食生产,实现农业可持续发展具有重大意义。

土壤有机碳的动态平衡是反映土壤质地、农作物产量以及经济效益的重要指标<sup>[2]</sup>。我国绿肥种植具有悠久历史。绿肥翻压还田后腐解、释放养分可成为优质有机肥源,可有效提高有机质输入土壤的速率<sup>[3]</sup>。因此,在苏北沿海滩涂地区种植绿肥具

收稿日期:2023-04-06

基金项目:江苏省农业科技自主创新资金[编号:CX(21)3169];江苏省沿海集团科技“揭榜挂帅”项目(编号:2022YHTDJB014)。

作者简介:刘 冲(1984—),男,江苏盐城人,硕士,副研究员,从事耐盐植物栽培利用研究。E-mail:cellbio@163.com。

通信作者:邢锦城,硕士,副研究员,从事土壤肥料与盐土农业工程相关研究。E-mail:sdauxxx@163.com。

high yielding pole type native pea (*Pisum sativum* L.) variety *Dentami* of Sikkim, India [J]. Current Research in Microbial Sciences, 2021, 2:100068.

[66]王丹丹,王清明. 丁香假单胞菌的分子生物学研究进展[J]. 西北农业学报, 2017, 26(4):487-496.

[67]Sotelo J P, Oddino C, Giordano D F, et al. Effect of *Thymus vulgaris* essential oil on soybeans seeds infected with *Pseudomonas syringae* [J]. Physiological and Molecular Plant Pathology, 2021, 116:101735.

[68]Bernal M P, Alburquerque J A, Moral R. Composting of animal

manures and chemical criteria for compost maturity assessment. A review[J]. Bioresource Technology, 2009, 100(22):5444-5453.

[69]周爱松,王凤春,刘向东,等. 禽畜粪便与板栗废弃物不同配比混合堆肥的理化特征研究[J]. 安徽农业科学, 2018, 46(15):117-120.

[70]Wang P, Chang C M, Watson M E, et al. Maturity indices for composted dairy and pig manures[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2004, 36(5):767-776.

[71]萨日娜,陈立新,王 娟,等. 不同有机堆肥对番茄产量、品质和土壤性状的影响[J]. 北方园艺, 2020(22):42-47.