

微生物肥配施化肥对设施菜地青菜生长及土壤环境的影响

张思怡, 张停林, 杨军峰, 吕卫光, 李双喜, 陈昭良, 张翰林, 张海韵, 张娟琴, 白娜玲

引用本文:

张思怡, 张停林, 杨军峰, 等. 微生物肥配施化肥对设施菜地青菜生长及土壤环境的影响[J]. 农业环境科学学报, 2025, 44(8): 2178-2190.

在线阅读 View online: <https://doi.org/10.11654/jaes.2024-0761>

您可能感兴趣的其他文章

Articles you may be interested in

施用鸡粪有机肥对种植小油菜土壤微生物群落结构多样性的影响

李可, 孙彤, 孙涛, 徐应明, 孙约兵

农业环境科学学报. 2020, 39(10): 2316-2324 <https://doi.org/10.11654/jaes.2020-0036>

洱海流域不同有机肥替代对土壤理化性质及油菜产量的影响

万辰, 马瑛骏, 张克强, 王风, 沈仕洲

农业环境科学学报. 2021, 40(11): 2494-2502 <https://doi.org/10.11654/jaes.2021-1026>

洱海流域不同施肥模式对稻田氮磷径流流失的影响

姜海斌, 沈仕洲, 谷艳茹, 于双, 邹洪涛, ArifHusain, 张磊, 张克强

农业环境科学学报. 2021, 40(6): 1305-1313 <https://doi.org/10.11654/jaes.2020-1292>

长期施肥对黄土旱塬农田土壤微生物量碳、氮、磷的影响

李春越, 郝亚辉, 薛英龙, 王益, 党廷辉

农业环境科学学报. 2020, 39(8): 1783-1791 <https://doi.org/10.11654/jaes.2020-0240>

地理式秸秆反应堆对南方越冬茄子生产及温室土壤微环境的影响

段晓婷, 叶静, 林辉, 邹平, 孙万春, 马军伟, 符建荣

农业环境科学学报. 2019, 38(6): 1296-1304 <https://doi.org/10.11654/jaes.2018-1273>



关注微信公众号, 获得更多资讯信息

张思怡, 张停林, 杨军峰, 等. 微生物肥配施化肥对设施菜地青菜生长及土壤环境的影响[J]. 农业环境科学学报, 2025, 44(8): 2178-2190.

ZHANG S Y, ZHANG T L, YANG J F, et al. Effects of microbial fertilizer combined with chemical fertilizer on the *Brassica chinensis* L. growth and soil environment in facility vegetable soils[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2025, 44(8): 2178-2190.



开放科学 OSID

微生物肥配施化肥对设施菜地青菜生长及土壤环境的影响

张思怡^{1,3}, 张停林², 杨军峰², 吕卫光^{1,4}, 李双喜^{1,4}, 陈昭良¹, 张翰林^{1,4}, 张海韵¹, 张娟琴¹, 白娜玲^{1,4*}

(1. 上海市农业科学院生态环境保护研究所, 上海 201403; 2. 上海市青浦农业技术推广服务中心, 上海 201799; 3. 上海海洋大学水产与生命学院, 上海 201306; 4. 农业农村部东南沿海绿色低碳重点实验室, 上海 201403)

摘要:为探究微生物肥配施化肥对设施菜地青菜生长及土壤环境的影响,通过田间小区试验,设置100%复合肥(T1)、80%复合肥+微生物肥(T2)、60%复合肥+微生物肥(T3)、40%复合肥+微生物肥(T4)、100%微生物肥(T5)5个施肥处理,利用生理生化测定及高通量测序手段,分析不同处理下青菜的农艺性状、产量、品质及土壤理化性质、酶活和微生物群落变化规律。结果表明:相较于T1, T2~T5处理均在一定程度上提升了青菜产量(增幅为0.35%~13.51%, $P>0.05$),其中T2处理的青菜产量最高(45.97 t·hm⁻²);微生物肥施加可改善青菜农艺性状和品质,其中T3处理显著增加了青菜株高和最大叶宽(增幅分别为13.35%和10.91%, $P<0.05$), T2处理显著提高了青菜可溶性糖含量(增幅为37.93%, $P<0.05$), T2~T5处理均显著降低了青菜中硝态氮含量($P<0.05$)。除土壤全钾、速效氮、电导率外,微生物肥与化肥配施处理未显著影响土壤理化性质;与其他处理相比(T2除外), T3处理显著提高了土壤脲酶活性($P<0.05$), T2处理的土壤蔗糖酶活性(77.13 mg·d⁻¹·g⁻¹)显著高于T5处理($P<0.05$)。过低化肥施用量(T4、T5处理)显著降低土壤细菌群落丰富度(Chao1和Sobs指数);微生物肥与化肥配施各处理明显影响土壤细菌与真菌群落的结构和组成,属水平细菌(*Tumebacillus*)和真菌(*Cladosporium*、*Alternaria*、*Trichoderma*)的相对丰度差异显著;土壤有机质和过氧化物酶活性与细菌群落结构的变化显著相关,而速效钾、全钾、铵态氮含量和土壤酶活性与真菌群落结构的变化显著相关。产投比分析显示, T2和T3处理较T1处理可分别增收12 090元·hm⁻²和7 620元·hm⁻²。研究表明,微生物肥与化肥合理配施可在一定程度上改善设施菜地土壤理化性质和微生物酶活,重塑土壤微生物群落结构,促进青菜增产提质,增加经济收益,其中施用60%~80%复合肥+微生物肥效果较好。

关键词:微生物肥;施肥模式;设施菜地;产量和品质;土壤改良;微生物群落

中图分类号:S634.3;S626 文献标志码:A 文章编号:1672-2043(2025)08-2178-13 doi:10.11654/jaes.2024-0761

Effects of microbial fertilizer combined with chemical fertilizer on the *Brassica chinensis* L. growth and soil environment in facility vegetable soils

ZHANG Siyi^{1,3}, ZHANG Tinglin², YANG Junfeng², LÜ Weiguang^{1,4}, LI Shuangxi^{1,4}, CHEN Zhaoliang¹, ZHANG Hanlin^{1,4}, ZHANG Haiyun¹, ZHANG Juanqin¹, BAI Naling^{1,4*}

(1. Eco-environmental Protection Research Institute, Shanghai Academy of Agricultural Sciences, Shanghai 201403, China; 2. Shanghai Qingpu Agricultural Technology Extension Service Center, Shanghai 201799, China; 3. College of Fisheries and Life Science, Shanghai

收稿日期:2024-09-11 录用日期:2024-12-06

作者简介:张思怡(2001—),女,山西晋城人,硕士研究生,主要从事微生物肥料研发及作用机制研究。E-mail:18235645196@163.com

张停林与张思怡对本文同等贡献

*通信作者:白娜玲 E-mail:bainaling@saas.sh.cn

基金项目:上海市农业科技创新项目(T2023313, 2022-02-0800-12-F01121);上海市“科技创新行动计划”国内合作项目(23015820900);上海市农业科学院卓越团队建设计划项目[沪农科卓2022(008)];上海市现代农业产业技术体系项目[沪农科产字[2024]第2号]

Project supported: Shanghai Agricultural Science and Technology Innovation Project (T2023313, 2022-02-0800-12-F01121); "Science and Technology Innovation Action Plan" Domestic Cooperation Project of Shanghai (23015820900); The Outstanding Team Program of Shanghai Academy of Agricultural Sciences (Hu Nong Ke Zhuo 2022(008)); Shanghai Modern Agricultural Industry Technology System Project (Hunongkechan Zi (2024-2))

Ocean University, Shanghai 201306, China; 4. Key Laboratory of Low-carbon Green Agriculture in Southeastern China, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Shanghai 201403, China)

Abstract: To explore the effects of microbial fertilizer combined with chemical fertilizer on vegetable growth and soil environment in facility vegetable soils, a field plot experiment was carried out. Five fertilization treatments were established: 100% compound chemical fertilizer(T1), 80% compound chemical fertilizer + microbial fertilizer(T2), 60% compound chemical fertilizer + microbial fertilizer(T3), 40% compound chemical fertilizer + microbial fertilizer (T4), and 100% microbial fertilizer (T5). Physiological and biochemical measurement and high-throughput sequencing analysis were employed. The agronomic traits, yield, and quality of *Brassica chinensis* L., soil physicochemical properties, enzyme activity, and the microbial community under different treatments were analyzed. The results indicated that compared to the T1 treatment, T2–T5 treatments all increased the yield of Chinese cabbage (with an increase range of 0.35%–13.51%, $P>0.05$), among which T2 treatment yielded the highest production ($45.97 \text{ t} \cdot \text{hm}^{-2}$). The application of microbial fertilizer improved the agronomic traits and quality of Chinese cabbage. Specifically, T3 treatment significantly increased the plant height and maximal leaf width of Chinese cabbage (with an increase of 13.35% and 10.91%, respectively, $P<0.05$); T2 treatment significantly increased the soluble sugar content in Chinese cabbage (with an increase of 37.93%, $P<0.05$); T2–T5 treatments all significantly reduced the nitrate nitrogen content in Chinese cabbage ($P<0.05$). Except for soil total potassium, available nitrogen, and electrical conductivity, the different treatments of combined application of microbial fertilizer and chemical fertilizer did not significantly affect the soil physicochemical properties. Compared with other treatments(excluding T2), the T3 treatment significantly increased soil urease activity($P<0.05$); T2 treatment significantly increased soil sucrase activity ($77.13 \text{ mg} \cdot \text{d}^{-1} \cdot \text{g}^{-1}$) compared to T5 treatment($P<0.05$). Excessively low application of chemical fertilizer (T4 and T5 treatments) significantly reduced the soil bacterial community richness (Chao1 and Sobs indices). Different treatments significantly influenced the structure and composition of soil bacterial and fungal communities, with notable differences in the relative abundances of bacteria(such as *Tumebacillus*) and fungi(including *Cladosporium*, *Alternaria*, and *Trichoderma*) at genus level. Soil organic matter and peroxidase activity are significantly correlated with the bacterial community structure, while available potassium, total potassium, ammonium nitrogen and soil enzyme activity are significantly correlated with the fungal community structure. Furthermore, the input–output ratio analysis revealed that T2 and T3 treatments increased the income by 12 090 yuan $\cdot \text{hm}^{-2}$ and 7 620 yuan $\cdot \text{hm}^{-2}$, respectively, compared to the T1 treatment. In summary, the short-term field experiment shows that the rational combined application of microbial fertilizer and chemical fertilizer can, to a certain extent, improve the soil physicochemical properties and microbial enzyme activities in facility vegetable fields, reshape the soil microbial community structure, increase the vegetable yield and quality, and improve economic benefit. The application of 60%–80% compound fertilizer combined with microbial fertilizer achieves better results.

Keywords: microbial fertilizer; fertilization mode; facility vegetable field; yield and quality; soil improvement; microbial community

化肥是满足人口增长对粮食增产增收需求及农业集约化发展的重要保障,全球每年化肥农用消费量在2亿t(N+P₂O₅+K₂O养分量)左右,对粮食增产的贡献率超过40%^[1]。然而,大量使用传统化肥在促进农业增产的同时,给生态环境带来的不良影响逐渐显现,例如养分利用率下降、土壤质量恶化、生物多样性丧失、农产品品质下降、环境污染等^[2]。在有机农业的发展策略之下,我国2021年和2022年的农用化肥施用折纯量分别为 $5.19 \times 10^{-10} \text{ kg}$ 和 $5.08 \times 10^{-10} \text{ kg}$,化肥施用强度($325.7 \text{ kg} \cdot \text{hm}^{-2}$)虽有下降,但仍超国际安全施用水水平($225 \text{ kg} \cdot \text{hm}^{-2}$)。2022年,农业农村部印发的《到2025年化肥减量化行动方案》指出,大力推广新型功能性/增效肥料,实现农用化肥施用量稳中有降。

上海是全国农业复种指数与肥料投入量较高的地区,长期高肥并未带来高产,却伴随着作物产量与品质徘徊、耕地质量下降等问题。青菜在上海的规模

化生产面积大,集约化程度高,大棚中甚至可以种七八季,因此需大量、频繁施用化肥。设施菜田过量施用化肥会引起硝酸盐在土壤中积累,这成为青菜等叶菜类农产品硝酸盐超标等食品安全问题的源头之一^[3]。此外,由于设施农业的封闭性环境、盲目性施肥、不合理灌溉和管理不当等原因,设施土壤易出现养分不均衡、板结和次生盐渍化等问题,其中次生盐渍化最为突出^[4]。唐冬等^[5]调查了上海市郊出现耕作障碍的设施土壤的盐分特征,发现主要分为微盐渍土、轻度盐渍土、盐土,分别占17.39%、56.52%、13.04%。近年来,通过外源施加微生物肥以改善土壤环境的研究不断加强^[6–7]。微生物肥是一类含有活微生物的特定制品,应用到农业生产中可使作物获得特定的肥料效应。其中的活微生物起关键作用,有益菌群在其生命活动中产生大量代谢产物,从而增加土壤中养分有效性,提升土壤肥力^[8–9]。前人研究表明,

施用微生物肥可有效提高24.19%的甜高粱产量,还显著提升了土壤有机碳(21.50%)、速效磷(AP, 26.14%)、速效钾(AK, 36.30%)含量,显著降低了土壤pH(2.21%)和电导率(EC, 12.04%)^[10]。施加微生物肥还可以提高土壤酶活性,活化土壤微生物区系,同时降低土壤盐分,对盐碱土壤修复与改良具有重要意义^[11]。例如,王丹等^[12]发现,施加微生物肥显著降低了盐碱地土壤pH和盐分,增加了土壤有机质(SOM)含量,同时还提高了土壤蛋白酶、脲酶(S-UE)、蔗糖酶(S-SC)、过氧化氢酶的活性,改变了细菌群落组成与结构,有利于盐碱土壤的改良。对于作物来说,微生物肥可促进植物根系发展,提高对盐分胁迫的耐受性,并通过根系分泌物间接改善土壤环境^[13]。

需要指出的是,微生物肥通常不直接提供植物所需的大量营养元素,或提供量有限。对植物生长而言,单施微生物肥养分单一,且微生物肥有一定的环境依赖性,外界条件的变化可能会影响其施用效果^[14]。微生物肥与化肥互有补益,可配合施用,从而达到优质高产的目的^[15]。刘赵帆等^[16]指出,微生物肥替代部分化肥处理可增加黄瓜叶片中叶绿素含量,提高黄瓜中可溶性糖、可溶性蛋白质、可溶性固形物、维生素C(VC)等的含量,降低硝酸盐积累量,从而提升黄瓜商品率。

化肥减施提质增效是实现上海现代农业绿色、高质量、可持续发展的迫切需求。目前,关于微生物肥配施化肥对长期集约化生产的设施菜地中青菜生长、产量、品质及土壤环境的影响研究不够深入。因此,本研究通过田间小区试验,探究微生物肥配施化肥处理下土壤理化性质、酶活性、微生物群落的变化规律及内在关系,为实现青菜类叶菜农产品的优质高产、微生物肥与化肥配施增效技术的推广应用提供实践指导。

1 材料与方法

1.1 试验地点

试验地点位于上海郁香园蔬果专业合作社(30°53'N, 121°23'E)设施大棚内。试验地0~20 cm土壤理化性质如下:pH 6.41, SOM 3.65%, 全氮(TN)0.24%, 全磷(TP, 以P₂O₅计)0.41%, 全钾(TK, 以K₂O计)2.39%, 盐分4.31 g·kg⁻¹, EC 0.49 mS·cm⁻¹。参考唐冬等^[5]的土壤盐渍化程度分级标准,该地土壤属于轻度盐渍化土壤。

1.2 试验材料

供试作物为青菜,品种为“艳青”,4月11日播种,

5月22日收获。试验中调查青菜农艺性状,同时取土样用于后续分析。

供试三元复合肥为硫酸钾复合肥(中盐安徽红四方肥业股份有限公司),N:P₂O₅:K₂O=15:15:15,硫≥8%。

供试微生物肥购自鹤壁市人元生物科技发展有限公司,有效活菌数≥10亿个·g⁻¹,有效菌株主要为枯草芽孢杆菌、地衣芽孢杆菌、侧孢短芽孢杆菌。

1.3 试验方法

1.3.1 试验设计

试验设置5个处理组:100%复合肥(T1)、80%复合肥+微生物肥(T2)、60%复合肥+微生物肥(T3)、40%复合肥+微生物肥(T4)、微生物肥(T5)。各处理组的肥料(复合肥和/或微生物肥)作为基肥统一施入。其中,T1处理复合肥施加量为450 kg·hm⁻²(其余处理按要求递减),微生物肥施加量均为1 500 kg·hm⁻²,其他田间管理一致。每处理设3个重复,各小区随机区组设计,小区面积为5.2 m²。

1.3.2 测定项目及方法

青菜农艺性状调查:对成熟期青菜进行随机抽样,每小区取5株青菜样本,分别调查株高、开展度、最大叶长、最大叶宽、叶柄长、叶柄宽和单株质量等指标。

产量调查:分别统计各小区成熟期青菜的实际产量。

品质测定:对成熟期的青菜测定其VC、叶绿素、可溶性糖、硝态氮含量,分别采用固蓝B盐比色法、光谱法、葱酮比色法、硝基水杨酸法,试剂盒购自苏州科铭生物技术有限公司。

土壤理化性状测定:采用五点取样法用直径4 cm的不锈钢采土器采集0~20 cm土壤样品,土样低温带回实验室剔除杂物后分为3部分,一部分风干过筛用于测定土壤理化指标,一部分过1 mm筛后用于测定土壤酶活性,另一部分置于-80℃冰箱冷冻用于微生物(细菌/真菌)群落高通量分析。其中,土壤TN、TP、TK、SOM及速效氮(AN)、AP、AK含量,以及盐分、EC、pH等指标的测定参照《土壤农化分析》^[17]。

土壤酶活性测定:土壤过氧化物酶(S-POD)、土壤碱性磷酸酶(S-ALP)、S-SC、S-UE活性分别采用邻苯三酚比色法、磷酸苯二钠水解法、3,5-二硝基水杨酸法、靛酚蓝比色法进行测定,试剂盒购自苏州科铭生物技术有限公司。

1.3.3 细菌及真菌群落高通量测序

称取土壤样品0.5 g,利用土壤总DNA提取试剂

盒(FastDNA® Spin Kit for Soil)提取DNA样品。使用引物341F(5'-CCTACGGGNGGCWGCAG-3')和805R(5'-GACTACHVGGGTATCTAATCC-3')对细菌16S rDNA的V3~V4区进行PCR扩增,使用引物ITS1F12(5'-GTGARTCATCGAATCTTTG-3')和ITS2(5'-TCCTCCGCTTATTGATATGC-3')扩增真菌ITS2区域。样品委托上海百趣生物有限公司采用NovaSeq PE250平台进行测序分析。

1.4 数据分析

测序得到的双端PE reads进行样本拆分后,根据测序质量对数据进行质控和过滤,同时根据PE reads之间的重叠关系进行拼接,获得质控拼接之后的优化数据。使用DADA2序列降噪方法优化数据,获得ASV(Amplicon Sequence Variant)代表序列和丰度信息。为使各样本在相同序列数水平上对比,对数据按照最小样本序列数进行抽平(subsample)处理。

细菌群落高通量测序得到1 038 594条原始数据,431 196 689 bp碱基数,抽平后每个样品含有的有效序列数为693 795条。真菌群落高通量测序得到1 179 311条原始数据,总碱基数350 541 022 bp,抽平后每个样品含有的有效序列数为1 018 680条。基于silva138.1/16s_bacteria和unite9.0/its_fungi数据库及bayes注释方法(classify-sklearn),对抽平后的ASV进行分类比对,分类置信度为0.7。计算ASV水平的 α 多样性指数对群落丰富度、多样性、均匀度进行表征,主要指标包括Chao1、Sobs、Shannon、Simpson。利用偏最小二乘判别分析(PLS-DA)进行 β 多样性分析,明确处理间整体群落的结构差异。根据分类学分析结果,获得不同处理下门和属水平上的细菌/真菌群落组成情况,并利用One-way ANOVA进行组间差异检验以获得组间物种差异信息。通过方差膨胀因子(VIF)、冗余分析(RDA)、Pearson相关性分析,明确

土壤理化性质、酶活性与细菌/真菌微生物群落结构的关联性。

使用Excel 2020对原始数据进行整理,以SPSS 22.0进行数据方差分析和差异显著性分析,以Origin 2021软件绘图。

2 结果与分析

2.1 不同施肥处理青菜的农艺性状

由表1可知,不同施肥处理对青菜单株质量无显著影响($P>0.05$),但化肥和微生物肥配施对青菜鲜质量的提升效果优于单施化肥和单施微生物肥。相较于T1处理,T2、T3、T4处理均提高了青菜单株质量,增幅分别为19.67%、16.41%和9.19%;T5处理的青菜单株质量最低,仅为44.67 g。相较于T1处理,T3处理显著提高了青菜株高和最大叶宽($P<0.05$),增幅分别为13.35%和10.91%,其他处理差异不显著。微生物肥的施用均在一定程度上改善了青菜的开展度、叶数、最大叶长、叶柄长、叶柄宽等指标,但各处理间差异不显著。施用60%复合肥+微生物肥对青菜农艺性状的改善效果较好。

2.2 不同施肥处理对青菜产量及品质的影响

由表2可知,微生物肥的施加(T2~T5处理)可提高青菜产量,但不同施肥处理的青菜产量无显著差异(40.50~45.97 t·hm⁻²)。T2和T3处理的青菜产量较T1处理提高了13.51%和9.68%,T4和T5处理中青菜产量仅提高了3.70%和0.35%,说明微生物肥需与其他肥料合理配施才能达到最佳效果,化肥用量过低和单施微生物肥均不能有效提高青菜产量。

与T1处理相比,微生物肥与化肥减量配施的4个处理未显著影响青菜中VC含量,但T3和T4处理间的VC含量有显著差异($P<0.05$)。除T4处理外,T2、T3、T5处理的可溶性糖含量均高于T1处理,其中

表1 不同施肥处理对青菜农艺性状的影响

Table 1 Effects of different fertilization treatments on agronomic traits of *Brassica chinensis* L.

处理 Treatment	单株质量 Single plant weight/g	株高 Plant height/cm	开展度 Plant stretch	叶数 Blades number	最大叶长 Maximum leaf length/cm	最大叶宽 Maximum leaf width/cm	叶柄长 Petiole length/ cm	叶柄宽 Petiole width/ cm
T1	50.83±9.54a	18.28±0.84b	22.56±0.54a	10.67±0.33a	18.89±0.98a	9.17±0.17b	8.33±0.33a	2.77±0.24a
T2	60.83±15.37a	20.17±0.76ab	21.78±1.39a	11.00±2.65a	19.50±2.18a	9.39±0.38ab	8.61±1.69a	2.90±0.30a
T3	59.17±8.61a	20.72±1.95a	23.67±5.20a	10.78±1.35a	20.83±2.13a	10.17±0.83a	9.22±0.69a	3.17±0.47a
T4	55.50±3.50a	20.17±1.00ab	23.22±1.62a	10.78±1.35a	20.33±1.17a	9.61±0.54ab	8.67±0.33a	2.96±0.27a
T5	44.67±7.85a	19.11±1.68ab	23.33±2.49a	11.33±1.00a	20.39±0.84a	9.28±0.35ab	8.61±0.35a	3.17±0.15a

注:同列不同小写字母表示处理间差异显著($P<0.05$)。下同。

Note: Different lowercase letters in the column indicate significant differences among treatments ($P<0.05$). The same below.

T2处理可溶性糖含量最高(0.40 mg·g⁻¹),显著高于T4与T1处理($P<0.05$)。类似地,T2处理的叶绿素含量最高(0.63 mg·g⁻¹),叶绿素含量顺序为T2>T3=T4>T1>T5。此外,施氮水平还影响蔬菜的硝酸盐累积量(表2)。T1处理的硝态氮含量最高(573.04 mg·kg⁻¹),T2~T5处理较T1处理显著降低了硝态氮含量(降幅为47.65%~58.37%, $P<0.05$),其中T5处理的硝态氮含量最低(238.56 mg·kg⁻¹)。

2.3 不同施肥处理对土壤理化性质及酶活性的影响

微生物肥与不同比例化肥配施对土壤pH、SOM、TN、TP、AP、AK、盐分等指标无显著影响(表3),微生物肥和化肥配施降低了土壤TK、AN含量和土壤EC。具体地,与T1处理相比,微生物肥+化肥减施(除T4外)显著降低了土壤TK含量11.81%~20.47%($P<0.05$),微生物肥+化肥减施(除T2外)显著降低了土壤AN含量6.63%~68.54%($P<0.05$),推测是化肥施用量减少和青菜摄氮生长使得土壤中可被植物快速吸收利用的氮素含量降低。T5处理相较于T1和T2处理,EC显著降低($P<0.05$),但与T3、T4处理无显著差异。化肥减量配合微生物肥的施用(T2~T5)使得土壤盐分降低了12.03%~37.97%,具有降低次生盐渍化

土壤的盐分和EC的趋势。本次试验中,微生物肥单独施用的肥效有限,不能完全满足作物生长对养分的需求。

由表4可知,微生物肥与化肥配施显著影响了S-UE和S-SC活性,而未影响S-POD、S-ALP活性。S-UE是决定土壤中氮转化的关键酶,其活性的变化与尿素氮肥水解密切相关。微生物肥与化肥配施均提高了S-UE活性,其中T3处理的S-UE活性最高,为208.65 $\mu\text{g}\cdot\text{d}^{-1}\cdot\text{g}^{-1}$,与其他处理(T2除外)差异显著($P<0.05$)。S-SC主要参与土壤碳循环,对土壤有机碳的转化和植物养分供应具有重要意义。本次试验中,T2处理提高了S-SC活性(77.13 $\text{mg}\cdot\text{d}^{-1}\cdot\text{g}^{-1}$),其显著高于T5处理($P<0.05$),与其他处理间差异不显著,说明该条件下土壤碳循环更为活跃,有助于提高土壤肥力和促进植物生长。不同施肥处理的S-POD和S-ALP活性无显著差异,且未表现出明显趋势,后续将通过细化监测频率分析其潜在变化机制。

土壤酶活性与土壤环境的改变密切相关,将土壤酶活性与土壤理化性质指标等环境因子进行Pearson相关性分析,结果见表5,土壤S-POD、S-UE和S-ALP活性与土壤理化性质无显著相关性,S-SC活性

表2 不同施肥处理对青菜产量及品质的影响

Table 2 Effects of different fertilization treatments on yield and quality of *Brassica chinensis* L.

处理 Treatment	产量 Yield/(t·hm ⁻²)	维生素C Vitamin C/($\mu\text{g}\cdot\text{g}^{-1}$)	叶绿素 Chlorophyll/($\text{mg}\cdot\text{g}^{-1}$)	可溶性糖 Soluble sugar/($\text{mg}\cdot\text{g}^{-1}$)	硝态氮 Nitrate nitrogen/($\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$)
T1	40.50±13.57a	164.43±12.55ab	0.58±0.06ab	0.29±0.03b	573.04±37.67a
T2	45.97±7.50a	161.35±1.42ab	0.63±0.11a	0.40±0.04a	299.97±16.81b
T3	44.42±7.12a	157.86±3.99b	0.61±0.04ab	0.32±0.05ab	257.17±70.37b
T4	42.00±6.89a	171.11±6.17a	0.61±0.15ab	0.26±0.03b	297.08±86.22b
T5	40.64±1.67a	162.81±3.61ab	0.47±0.06b	0.35±0.09ab	238.56±25.27b

表3 不同施肥处理对土壤理化性质的影响

Table 3 Effects of different fertilization treatments on the soil physicochemical properties

指标 Index	T1	T2	T3	T4	T5
pH	6.04±0.31a	6.09±0.11a	6.05±0.03a	6.10±0.11a	6.18±0.05a
土壤有机质 Soil organic matter/%	3.99±0.43a	4.05±0.11a	4.17±0.06a	3.95±0.07a	4.03±0.43a
全氮 Total nitrogen/%	0.27±0.08a	0.20±0.03a	0.23±0.02a	0.21±0.01a	0.22±0.00a
全磷 Total phosphorus/%	0.46±0.02a	0.46±0.01a	0.49±0.02a	0.33±0.10a	0.37±0.16a
全钾 Total potassium/%	2.54±0.45a	2.02±0.04b	2.08±0.14b	2.24±0.12ab	2.06±0.27b
铵态氮 Ammonium nitrogen/($\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$)	122.51±48.01a	114.39±8.70ab	64.78±26.36bc	58.22±26.30c	38.54±2.84c
有效磷 Available phosphorus/($\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$)	155.31±15.80a	155.18±18.74a	153.92±11.16a	171.62±15.75a	140.38±20.49a
速效钾 Available potassium/($\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$)	130.67±19.40a	136.33±21.96a	134.67±27.39a	116.33±18.01a	117.33±8.08a
盐分 Salinity/%	6.90±0.76a	5.99±1.87a	6.07±2.00a	5.64±1.15a	4.28±0.76a
电导率 Electrical conductivity/($\text{mS}\cdot\text{cm}^{-1}$)	0.92±0.04a	0.90±0.21a	0.71±0.26ab	0.65±0.26ab	0.43±0.12b

注:TP和TK含量分别以P₂O₅、K₂O计。

Note: The contents of TP and TK were calculated as P₂O₅ and K₂O, respectively.

表4 不同施肥处理对土壤酶活性的影响
Table 4 Effects of different fertilization treatments on soil enzyme activity

处理 Treatment	过氧化物酶 Peroxidase/ (mg·d ⁻¹ ·g ⁻¹)	脲酶 Urease/ (μg·d ⁻¹ ·g ⁻¹)	碱性磷酸酶 Alkaline phosphatase/ (μmol·d ⁻¹ ·g ⁻¹)	蔗糖酶 Saccharase/ (mg·d ⁻¹ ·g ⁻¹)
T1	75.57±6.02a	127.31±15.09b	7.74±0.68a	61.69±22.50ab
T2	72.05±4.13a	147.21±0.93ab	7.32±3.22a	77.13±17.00a
T3	71.52±1.62a	208.65±38.97a	7.87±1.71a	64.06±15.55ab
T4	75.41±6.84a	143.05±42.40b	6.64±0.71a	57.87±13.26ab
T5	77.17±17.39a	133.43±5.57b	7.51±0.39a	44.06±5.74b

与土壤AN、盐分含量和EC显著正相关。

2.4 不同施肥处理对土壤微生物群落的影响

2.4.1 土壤微生物群落α及β多样性分析

2.4.1.1 α多样性

表6分析了不同施肥处理对土壤细菌和真菌微生物群落的丰富度、多样性、均匀度的影响。微生物肥配施化肥降低了细菌群落丰富度(Chao1和Sobs指数):T4和T5处理与T1处理差异显著($P<0.05$);T2和T3处理在Chao1和Sobs指标上接近,均高于T4和T5处理,但低于T1处理,表明这两个处理的物种丰富度介于T1和其他处理之间。微生物肥配施化肥对细菌群落多样性(Shannon指数)和均匀度(Simpsoneven)

无显著影响,T3处理的Simpsoneven指数最高(0.201),表明该处理的物种分布较其他处理更均匀。对于真菌群落而言,不同施肥处理对其丰富度、多样性、均匀度均无显著影响($P>0.05$),而且不同施肥处理的土壤中真菌群落丰富度、多样性、均匀度均低于细菌。本试验发现,微生物肥与化肥的配施对细菌群落α多样性的影响较真菌群落显著。

2.4.1.2 β多样性

PLS-DA结果表明,相同处理的样品聚在一起,不同处理间的样品在ASV水平的微生物群落结构上相互分异(图1)。T1、T2、T3处理与其他2个处理(T4和T5)被COMP1(8.38%)和COMP2(7.32%)区分开,T4和T5处理聚类在一起,表明T4和T5处理的细菌群落结构明显异于其他3个处理(图1a)。COMP1轴将T1、T2处理与其他处理区分开,COMP2轴将T2、T3处理与其他处理区分开。真菌群落结构呈现类似的趋势,T4和T5处理聚类并与其他3个处理区分开,T1、T2处理与其他处理被COMP1轴(8.10%)区分开,COMP2轴(7.24%)将T2和T3处理与其他处理区分开。T4和T5处理的样品聚类在一起,表明这两种处理对微生物群落结构的影响接近,可能具有相似的微生物群落组成。因此,本试验中60%~80%化肥与微

表5 土壤酶活性与土壤理化性质的相关性分析

Table 5 Correlation analysis between soil enzyme activities and soil physicochemical properties

土壤酶 Soil enzyme	pH	有机质 Organic matter	全氮 Total nitrogen	全磷 Total phosphorus	全钾 Total potassium	铵态氮 Ammonium nitrogen	有效磷 Available phosphorus	速效钾 Available potassium	盐分 Salinity	电导率 Electrical conductivity
过氧化物酶Peroxidase	0.124	0.390	0.247	-0.251	0.116	-0.017	-0.355	-0.341	-0.115	0.194
脲酶Urease	-0.124	0.238	0.149	0.454	-0.252	-0.323	0.197	-0.043	0.188	0.164
碱性磷酸酶Alkaline phosphatase	0.036	0.159	0.483	0.248	0.041	0.114	0.091	-0.376	0.290	0.470
蔗糖酶Saccharase	0.155	-0.116	0.193	0.135	0.111	0.866**	0.330	0.142	0.871**	0.815**

注:**代表在 $P<0.01$ 水平显著相关。

Note:** indicates a significant correlation at the $P<0.01$ level.

表6 不同施肥处理对土壤细菌及真菌群落α多样性的影响

Table 6 Effects of different fertilization treatments on the α diversity of soil bacterial and fungal communities

项目Item	处理Treatment	Chao1	Sobs	Shannon	Simpsoneven
细菌Bacteria	T1	2 817.47±104.18a	2 807±100a	7.15±0.06a	0.189±0.031a
	T2	2 656.61±202.44ab	2 647±197ab	7.09±0.09a	0.187±0.009a
	T3	2 588.68±80.40ab	2 584±82ab	7.09±0.13a	0.201±0.054a
	T4	2 547.50±131.59b	2 543±133b	6.98±0.18a	0.171±0.046a
	T5	2 565.19±90.42b	2 556±92b	6.97±0.17a	0.135±0.054a
真菌Fungi	T1	430.13±21.74a	430±21a	3.95±0.06a	0.045±0.005a
	T2	406.65±16.07a	406±16a	3.64±0.42a	0.036±0.019a
	T3	398.30±36.13a	398±36a	3.88±0.30a	0.044±0.021a
	T4	431.70±56.38a	431±57a	3.92±0.24a	0.045±0.015a
	T5	408.91±29.68a	408±29a	3.87±0.33a	0.047±0.022a

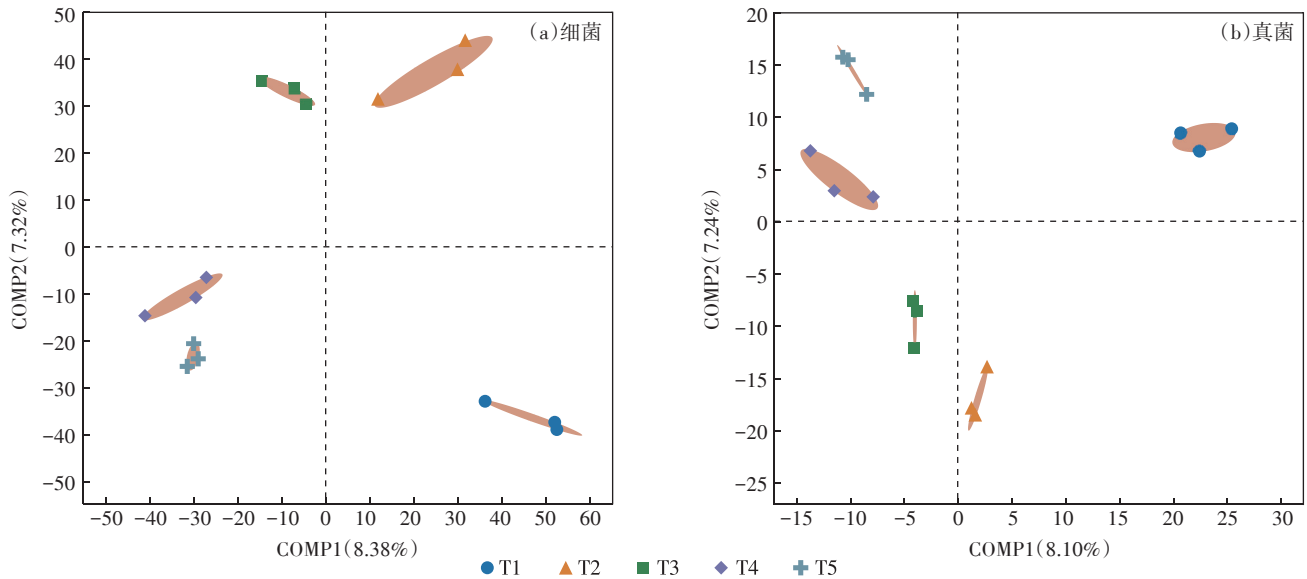


图1 ASV水平上细菌和真菌群落的PLS-DA

Figure 1 PLS-DA of bacterial and fungal communities at ASV level

生物肥配施显著影响土壤微生物群落结构。细菌和真菌群落结构的分布模式相似,表明土壤微生物群落结构对环境因素的响应可能具有一定的一致性。

2.4.2 对土壤微生物群落组成的影响

微生物肥配施化肥处理影响了细菌门和属水平的物种相对丰度(图2a、图2c)。相对丰度高于5%的主要优势物种为变形菌门(Proteobacteria, 32.95%~35.66%)、放线菌门(Actinobacteriota, 9.66%~10.87%)、厚壁菌门(Firmicutes, 9.18%~10.34%)、芽单胞菌门(Gemmatimonadota, 7.67%~8.71%)、绿弯菌门(Chloroflexi, 7.41%~8.25%)、酸杆菌门(Acidobacteriota, 7.50%~8.09%)。相对丰度高于2%的属水平主要优势物种为鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*, 5.48%~7.86%)、unclassified_f_Gemmatimonadaceae (5.01%~5.62%)、芽孢杆菌属(*Bacillus*, 4.76%~5.58%)、unclassified_o_Vicinamibacterales (1.96%~2.16%)、unclassified_o_Chloroplast (1.15%~2.65%)、unclassified_f_Elsterales (1.34%~2.65%)。相较于T1处理, T3、T4处理中*Sphingomonas*的相对丰度有2.46%~12.49%的提升。此外, T2~T5处理均不同程度地提高了土壤中*Bacillus*、*Gemmatimonas*、德沃斯氏菌(*Devosia*)、*Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium*的相对丰度,增幅为4.57%~17.18%、8.29%~26.76%、18.40%~126.30%、85.82%~230.32%。*Bacillus*相对丰度的增加,可能与施加的微生物肥的功能菌株为芽孢杆菌属有关,但其中功能菌株在土壤中定殖与否需采用qPCR、GFP、FISH等技术验证。*Allorhi-*

*zobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium*属于根瘤菌科,是由4个属组成的复合分类单元,其相对丰度的增加表明微生物肥与化肥配施可能富集了土壤氮循环相关的功能微生物。微生物肥与化肥配施降低了膨胀芽孢杆菌(*Tumebacillus*)的相对丰度,其中T3~T5处理与T1处理差异显著(31.08%~45.16%, $P<0.05$)。

真菌门水平相对丰度高于1%的优势物种为子囊菌门(Ascomycota, 44.11%~64.15%)、unclassified_k_Fungi (24.56%~45.90%)、被孢霉门(Mortierellomycot, 5.44%~7.02%)、担子菌门(Basidiomycota, 0.90%~2.98%)、壶菌门(Chytridiomycota, 0.69%~1.22%)。不同处理中属水平优势物种(相对丰度高于3%)为unclassified_k_Fungi (38.69%~45.90%)、unclassified_f_Chaetomiaceae (10.55%~13.89%)、被孢霉属(*Mortierella*, 6.09%~8.41%)、毛球孢属(*Papulaspora*, 3.58%~7.34%)、枝孢霉属(*Cladosporium*, 1.87%~4.70%)、新赤壳属(*Emericellopsis*, 1.87%~4.70%)。*Cladosporium*、*Alternaria*、*Trichoderma*等真菌的相对丰度有显著差异($P<0.05$)。相较于T1处理,微生物肥的添加降低了*Cladosporium*、*Alternaria*的相对丰度,且T5处理差异显著($P<0.05$)。结果表明,不同施肥处理确实导致土壤微生物群落组成发生变化。

2.4.3 环境因子与微生物种群的相关性分析

VIF是衡量多元线性回归模型多重共线性严重程度的一种度量,其值大于1。因此,先进行VIF分析筛选环境因子,再进行后续与微生物菌群的相关性分

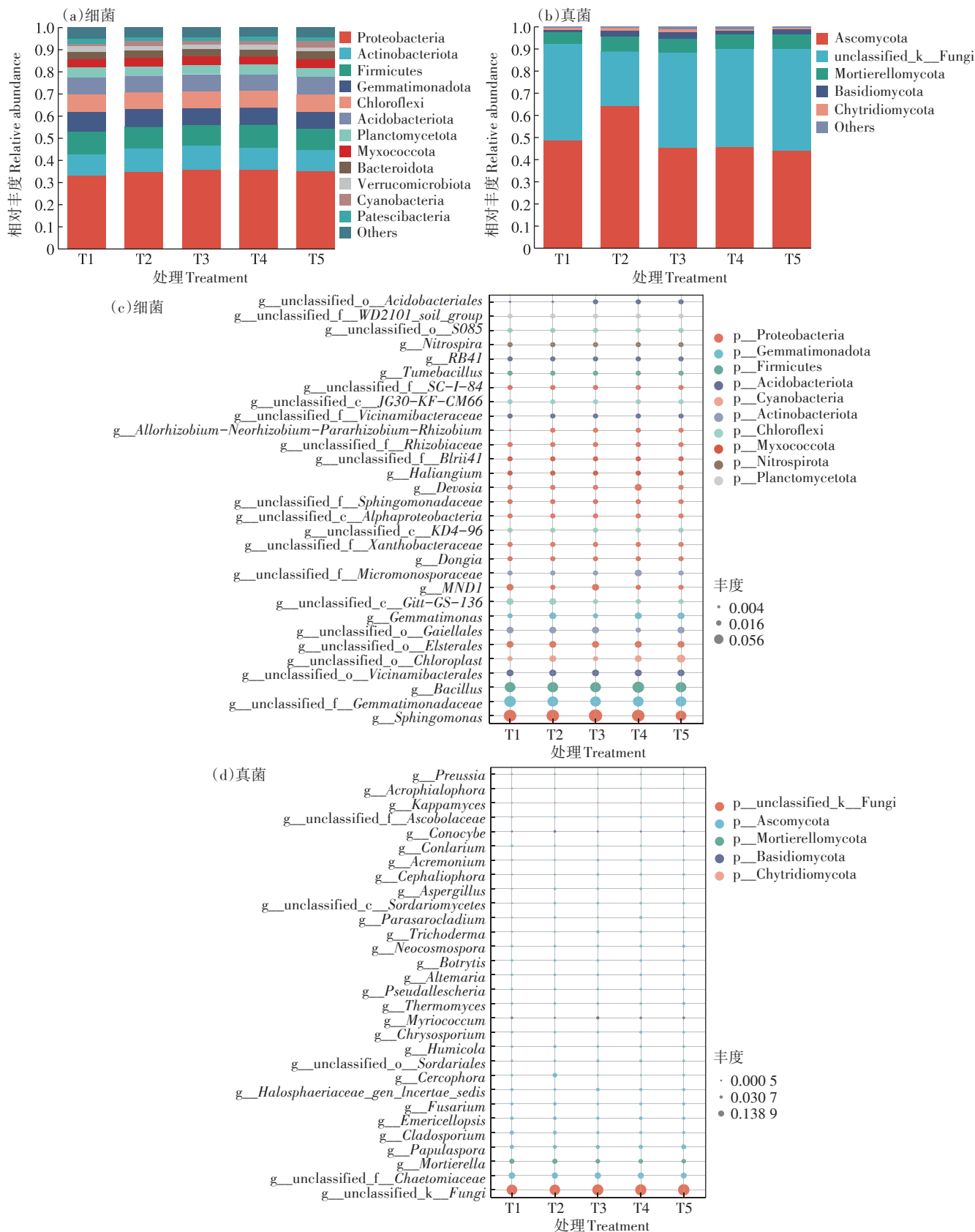


图2 细菌和真菌门水平物种组成(相对丰度>1%)及属水平前30细菌和真菌物种相对丰度差异分析的气泡图(One-way ANOVA)

Figure 2 Composition analyses of the bacteria and fungi taxa at phylum level (relative abundance>1%), bubble map of the relative abundances of the top 30 species at genus level of bacteria and fungi (One-way ANOVA)

析。VIF 阈值设为 10,发现可进行后续分析的影响因子为:pH、SOM、TN、TP、TK、AN、AP、AK、盐分、EC 10 个指标。

图 3 显示了不同施肥处理后土壤环境因子对细菌、真菌菌群的影响,RDA 结果明确了各种环境因子对门水平土壤微生物群落的影响。由图 3a 可知,土壤理化因子可解释细菌群落变化的 55.27%。从土壤理化性质和微生物群落的矢量方向看出,SOM、EC、AN、AK 与 RDA1 轴负相关,其他因子与之正相关。AN、AK、pH、TP 与 RDA2 轴负相关,其他因子与之正相关。RDA1 和 RDA2 的解释率分别为 41.03% 和 14.24%,SOM 对门水平细菌菌群结构影响作用最大,是影响土壤细菌群落结构的关键环境因子。由图 3b 可知,所选取的土壤理化因子可解释真菌群落变化的 81.36%。AK、TK、AP 与 RDA1 轴正相关,其他因子与之负相关。AK、TP、pH 与 RDA2 轴正相关,其他因子与之负相关。RDA1 和 RDA2 的解释率分别为 76.98% 和 4.38%,AK、TP 对门水平真菌菌群结构影响作用最大,是影响土壤真菌群落结构的关键环境因子。可见,不同环境因子对真菌、细菌群落结构产生了不同影响。

2.4.4 土壤理化性质、酶活性与微生物种群的相关性分析

化肥减量与微生物肥配施后土壤环境因子对细菌、真菌门水平菌群产生了不同影响(图 4)。图 4a 结

果显示,Chloroflexi、浮霉菌门(Planctomycetota)、疣霉菌门(Verrucomicrobiota)、骸骨菌门(Patescibacteria)的相对丰度分别与土壤 TN、AP、SOM、TK 含量显著正相关。拟杆菌门(Bacteroidota)、蛭弧菌门(Bdellovibrionota)、Dependentiae 的相对丰度均与 S-POD 显著正相关。Firmicutes、粘球菌门(Myxococcota)、Verrucomicrobiota、MBNT15 的相对丰度分别与土壤 AK、S-POD、pH、S-POD 显著负相关。Gemmatimonadota、脱硫杆菌门(Desulfobacterota)的相对丰度均与土壤 SOM 含量和 S-POD 显著负相关。Acidobacteriota 的相对丰度与土壤 EC 和 S-POD 显著负相关。Methylo-mirabilota 的相对丰度同时受到土壤 SOM、EC、S-POD 的显著影响。图 4b 结果显示,Ascomycota、Basidiomycota 的相对丰度分别与土壤 S-SC、S-UE 活性显著正相关。捕虫霉门(Zoopagomycota)相对丰度与土壤 TK 和 AN 含量均呈显著正相关。Mortierellomycota 的相对丰度与土壤 AK 含量正相关,但与 S-ALP 显著负相关。根肿黑粉菌门(Entorrhizomycota)的相对丰度与土壤 TN、S-UE、S-ALP 均呈现显著负相关关系。油壶菌门(Olpidiomycota)的相对丰度与土壤 pH 值显著负相关。罗兹菌门(Rozellomycota)、梳菌门(Kickxellomycota)、球囊菌门(Glomeromycota)的相对丰度均与 S-POD 显著负相关。总体看来,SOM 含量和 S-POD 与细菌门水平物种相对丰度密切相关,而土壤酶活性和土壤养分含量(如 TK、AN、AK)与真菌门水平

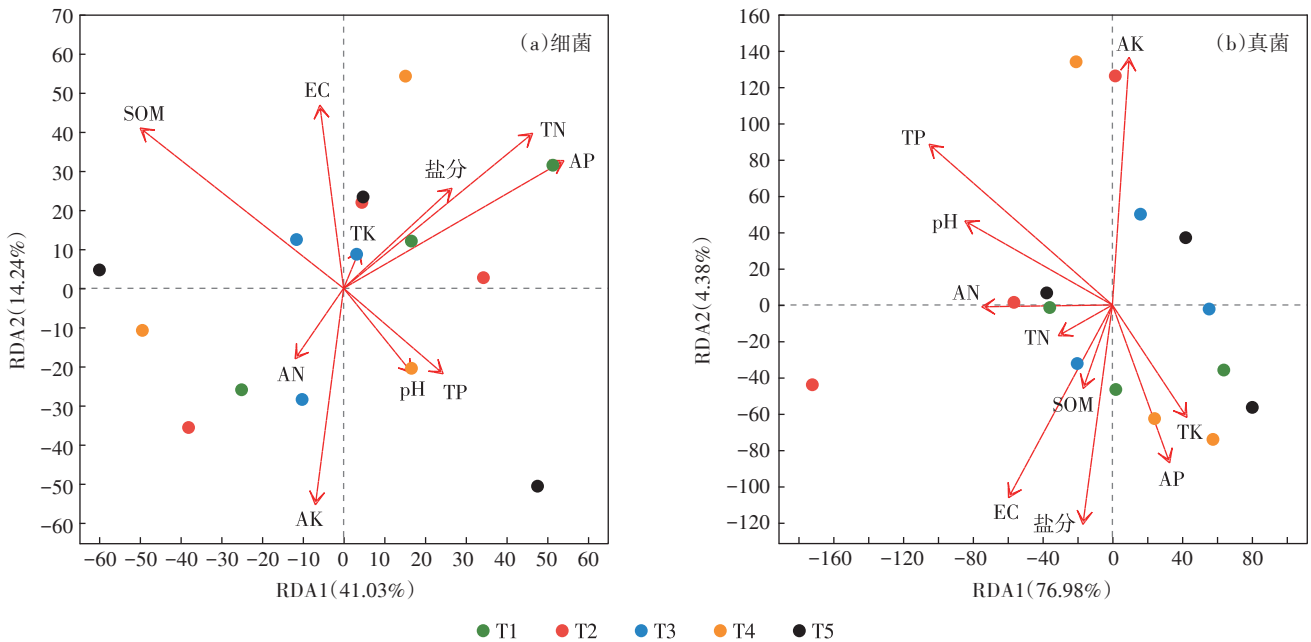


图 3 细菌、真菌物种与环境因子的 RDA 结果

Figure 3 RDA of soil bacterial and fungal community taxa and environmental factors at phylum level

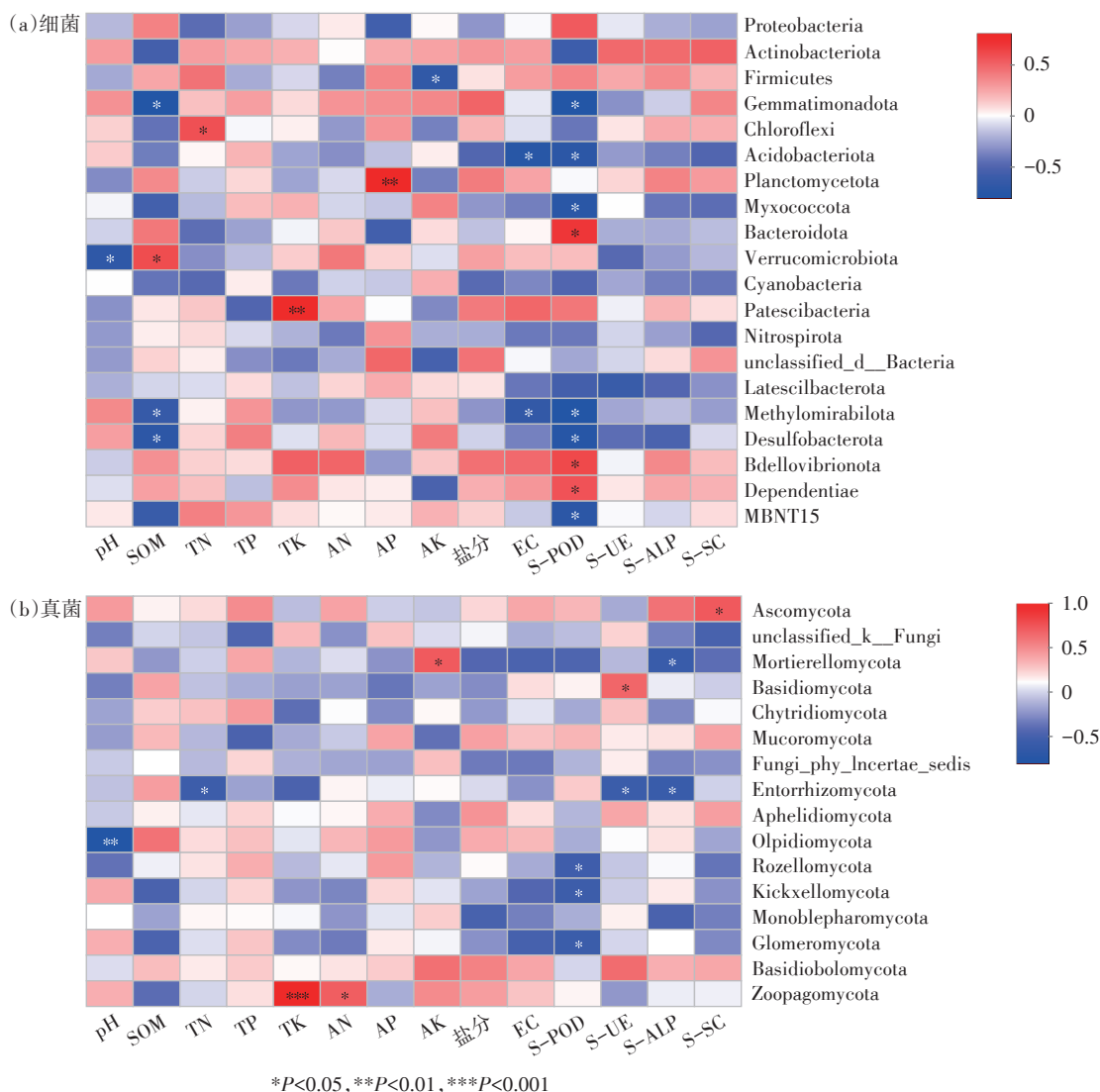


图4 不同施肥处理细菌、真菌门水平物种丰度与土壤理化性质、酶活性的相关性分析

Figure 4 Correlation analysis of relative abundances of bacteria, fungi taxa at phylum level with soil physicochemical properties and enzyme activities under different fertilization treatments

物种相对丰度密切相关。

3 讨论

大量研究表明,减少化肥施用的基础上加施微生物肥可提高作物产量,改善作物品质^[18]。本研究结果与前人研究一致,微生物肥合理配施化肥可改善青菜农艺性状、品质和产量,并且不同配施比例对青菜农艺性状、品质和产量的影响不同。VC、叶绿素、可溶性糖及硝酸盐含量常作为衡量蔬菜品质的指标^[19],且有研究指出,化肥的施用量会影响青菜中VC含量^[20]。由表1和表2可知,微生物肥配施化肥处理增加了青菜株高、最大叶宽,提高了青菜VC、叶绿素和可溶性糖含量,降低了硝态氮含量,提高了青菜产量(增幅为0.35%~13.51%),这与前人的研究结果一致^[21]。微生

物肥与化肥减量配施有利于提高青菜中可溶性糖和叶绿素含量,但化肥减施的最佳比例可能因土壤性质、肥料种类、作物特性而有所不同。蔬菜是极易富集硝酸盐的作物,硝酸盐含量是评价蔬菜品质的重要指征^[22]。随着化肥用量的减少,微生物肥与化肥配施模式的青菜中硝态氮含量明显降低(降幅为47.65%~58.37%),缓解了青菜中硝酸盐的富集。有研究指出,化肥减施+微生物肥有利于提高土壤TN、TP、TK、SOM含量^[23],还可提升土壤酶活性^[10]。此外,该施肥手段还可以降低土壤pH,有利于盐碱地的改良^[12]。在本研究中,微生物肥与化肥配施一定程度上降低了土壤盐分(降幅为12.03%~37.97%)和EC(降幅为2.17%~53.26%),具有缓解土壤次生盐渍化程度的趋势(表3),但仍需后续长期观测试验数据的佐证。

土壤酶可参与各种生物化学过程,对土壤肥力和植物生长产生显著影响,是土壤质量的重要指标之一。土壤微生物是土壤酶的重要来源,同时微生物群落结构变化与土壤酶活性之间也存在着显著的相关关系^[24];二者在土壤中相互依存、相互促进,共同参与土壤的生态功能和过程。土壤酶活性的改变有时不仅来源于微生物的贡献,一些土壤矿物颗粒也具有类似催化剂的氧化还原活性。例如,王苗苗等^[25]研究发现,将土壤高温灭菌处理后,土壤类过氧化物酶活性大多没有变化,表明其活性是土壤本身固有的氧化还原特性。与单施微生物肥相比(T5),T2处理显著提高了土壤中S-SC的活性(增幅为75.06%, $P<0.05$),T3处理显著提高了土壤中S-UE的活性(增幅为56.37%, $P<0.05$),说明化肥合理施加对土壤微生物活性有显著刺激作用。与前人研究^[26-27]不同的是,本试验中S-SC活性与土壤盐分和EC显著正相关,但与其他养分指标(AN除外)间无显著相关性。推测这可能是由于在此条件下的盐离子浓度适宜S-SC发挥其活性^[26]。需要指出的是,应根据实际生产中具体情况调整微生物肥和化肥的比例、频次、施用时间。

微生物是土壤微生态的重要组成部分,是驱动土壤养分循环的关键因子,对于维持土壤质量健康有重要作用。有研究表明,微生物肥与化肥配施可改善土壤生物学特性,增加微生物群落多样性^[28]。但本研究中,T2~T5处理在短期试验中的效果(表6)为:对真菌群落的 α 多样性指标无显著影响,但降低了细菌群落丰富度(Chao1和Sobs指数),且T4和T5处理表现为显著降低($P<0.05$)。一般来说,有机肥和无机肥配施可通过无机肥的启动作用(氮源)和有机肥的底物作用(碳源)有机耦合从而对土壤细菌和真菌起到促生作用,但本次试验结果(细菌群落Chao1指数:T1>T2>T3>T5>T4; Shannon指数:T1>T2=T3>T4>T5)与之相悖。但也有研究发现过类似现象^[29],推测原因可能为:本试验培肥时间较短导致各处理间差异不稳定;肥料添加量或配比不合理。张薇等^[30]发现,土壤性质变化对细菌群落影响更大,而对真菌群落无显著影响。本研究同样发现,微生物肥与化肥配施对细菌群落 α 多样性的影响显著于真菌群落,这可能是由于细菌个体小、繁殖快,在资源竞争中处于优势,从而对环境变化更为敏感。土壤微生物优势细菌门为Proteobacteria、Actinobacteriota、Firmicutes、Gemmatimonadota等。T2~T5处理中Proteobacteria的相对丰度略有增加,可能是由于微生物肥中的功能菌株能够活化土

壤中养分,从而刺激Proteobacteria中与碳、氮等营养元素的生物循环相关的种群含量增加。同时,土壤理化性质和酶活性等环境因子也影响了门水平细菌、真菌物种的结构和相对丰度(图3和图4)。综合来看,SOM和S-POD与大多数细菌群落结构密切相关,而AK、TK、AN含量和酶活性与大多数真菌群落结构密切相关。例如,Ascomycota和Basidiomycota是土壤的主要分解者,二者具有的关键基因可以分泌纤维素酶并促进碳转化过程。在本试验中,与T1处理相比,T2处理中Ascomycota和Basidiomycota的相对丰度明显增加,这与T2处理中S-SC活性最高($77.13\text{ mg}\cdot\text{d}^{-1}\cdot\text{g}^{-1}$)相对应,说明该处理中碳养分循环可能较活跃。从本研究发现,土壤酶活性与微生物的关系是多元的、多变的,某种特定的菌门物种与酶活性之间的关系都是不同的,后续研究应深入到每一个菌门物种的功能、性质等方面以及土壤酶活性本身的作用机制等方面。

不同处理显著影响了属水平的细菌、真菌物种相对丰度(图2),*Tumebacillus*属细菌和*Cladosporium*、*Alternaria*、*Trichoderma*等真菌的相对丰度有显著差异。*Tumebacillus*属具有较高的适应性,在土壤、水体、植物和动物体内等不同环境中都有发现^[31-33],一些*Tumebacillus*菌株还具有解磷、解钾、固氮等功能^[34]。也有研究表明,该菌多存在于有机质丰富的土壤中,与SOM含量呈正相关^[35]。本试验中,T2~T5处理降低了土壤中*Tumebacillus*的相对丰度,这可能与微生物肥中存在的分解有机质、利用碳源的细菌有关,处于相同生态位的物种会产生竞争关系,导致其相对丰度降低。*Cladosporium*是一类在土壤、水体、室内空气等环境中广泛分布的真菌^[36-38],一些*Cladosporium*菌是引起多种植物病害的病原菌^[39]。*Alternaria*也是一种普遍存在的破坏性真菌,可使果蔬采后贮运过程中发生黑斑病腐烂^[40]。T3处理中的*Trichoderma*相对丰度最高,显著高于T1处理。该属微生物广泛存在于土壤环境,能够产生丰富的次生代谢物,具有抑制病原菌和促进植物生长等功能。例如,该属成员*Trichoderma harzianum* T34与适量氮肥配施可有效促进植物根系生长^[41]。因此,微生物肥与化肥合理配施可能有利于降低植物病害发生率。

进一步地,按照复合肥和微生物肥成本分别为 $900\text{元}\cdot\text{hm}^{-2}$ 和 $4\,500\text{元}\cdot\text{hm}^{-2}$,青菜售卖单价 $3\text{元}\cdot\text{kg}^{-1}$ 计算,产投比分析结果表明T2、T3、T4、T5处理可分别增加 $12\,090$ 、 $7\,620$ 、 540 、 $-3\,180\text{元}\cdot\text{hm}^{-2}$ 收益。综合土

壤理化性质、酶活性、微生物群落结构及多样性变化规律,可知60%~80%化肥与微生物肥配施有利于重塑土壤微生态环境,为推荐施肥模式。但需要指出的是,应开展长期合理培肥监测试验以明确其生态效益。在后续的相关研究中,将针对不同土壤类型、不同作物、施用肥料类型和比例等特点,完善微生物肥与化肥配施技术操作体系,推动生态农业绿色高质量发展。

4 结论

(1)微生物肥和化肥的配施在一定程度上改善了青菜的农艺性状,有利于提高青菜中可溶性糖和叶绿素含量。微生物肥和化肥的配施对土壤总钾、速效氮含量和脲酶、蔗糖酶活性影响显著,同时该施肥模式具有缓解土壤次生盐渍化的趋势。

(2)过低的化肥配施微生物肥明显降低了细菌群落丰富度(Chao1和Sobs指数);60%~80%化肥与微生物肥配施显著影响土壤细菌、真菌群落结构和属水平物种相对丰度。土壤有机质和过氧化物酶活性与细菌群落结构变化显著相关,而速效钾、全钾、铵态氮含量和土壤酶活性与真菌群落结构变化显著相关。

(3)微生物肥与化肥合理配施可改善土壤理化性质和微生物酶活性,影响土壤微生物群落结构和组成,有利于青菜增产提质,提高经济效益。结合产投比分析,60%~80%复合肥与微生物肥配施效果较好。短期施用效果可能与长期试验有差异,故需进一步开展长期定位监测与跟踪评估。

参考文献:

- [1] IQBAL A, HE L, ALI I, et al. Co-incorporation of manure and inorganic fertilizer improves leaf physiological traits, rice production and soil functionality in a paddy field[J]. *Scientific Reports*, 2021, 11: 10048.
- [2] 高小朋,贺晓龙,任桂梅,等.化肥不合理施用带来的危害探析[J]. *农技服务*, 2011, 28(9): 1289-1290. GAO X P, HE X L, REN G M, et al. The harm of fertilizer for unreasonable application[J]. *Agricultural Technology Service*, 2011, 28(9): 1289-1290.
- [3] 王彦斌,杨一鸣,曾亮,等.甘肃省榆中县菜地土壤与蔬菜中重金属含量及健康风险评估[J]. *干旱地区农业研究*, 2015, 33(6): 234-241. WANG Y B, YANG Y M, ZENG L, et al. A survey of heavy metals concentrations in vegetables and soils in Yuzhong County of Gansu Province and their health risk[J]. *Agricultural Research in the Arid Areas*, 2015, 33(6): 234-241.
- [4] 颜安,吴勇,徐金虹,等.有机肥氮替代化肥氮和土壤改良剂对盐碱地棉花产量和土壤养分的影响[J]. *中国土壤与肥料*, 2021(6): 72-77. YAN A, WU Y, XU J H, et al. Effects of partial substitution of chemical nitrogen with organic fertilizer nitrogen and soil amendments on cotton production and soil nutrient in salinization field[J]. *Soil and Fertilizer Sciences in China*, 2021(6): 72-77.
- [5] 唐冬,毛亮,支月娥,等.上海市郊设施大棚次生盐渍化土壤盐含量调查及典型对应分析[J]. *环境科学*, 2014, 35(12): 4705-4711. TANG D, MAO L, ZHI Y E, et al. Investigation and canonical correspondence analysis of salinity contents in secondary salinization greenhouse soils in Shanghai suburb[J]. *Environmental Science*, 2014, 35(12): 4705-4711.
- [6] TIAN S H, XIA Y, YU Z, et al. Improvement and the relationship between chemical properties and microbial communities in secondary salinization of soils induced by rotating vegetables[J]. *Science of the Total Environment*, 2024, 921: 171019.
- [7] 宋嘉欣,石文昕,刘世辉,等.微生物菌肥对茄子生长发育及土壤环境的影响[J]. *天津农学院学报*, 2023, 30(5): 16-22. SONG J X, SHI W X, LIU S H, et al. Effects of microbial fertilizer on eggplant growth and development and soil environment[J]. *Journal of Tianjin Agricultural University*, 2023, 30(5): 16-22.
- [8] EL-SAYED S F, HASSAN H A, EL-MOGY M M. Impact of bio- and organic fertilizers on potato yield, quality and tuber weight loss after harvest[J]. *Potato Research*, 2015, 58(1): 67-81.
- [9] HAILEMARIAM M, BIRHANE E, GEBRESAMUEL G, et al. Arbuscular mycorrhiza effects on *Faidherbia albida* (Del.) A. Chev. growth under varying soil water and phosphorus levels in northern Ethiopia[J]. *Agroforestry Systems*, 2018, 92(2): 485-498.
- [10] WU Q C, CHEN Y, DOU X H, et al. Microbial fertilizers improve soil quality and crop yield in coastal saline soils by regulating soil bacterial and fungal community structure[J]. *Science of the Total Environment*, 2024, 949: 175127.
- [11] 赵志敏.施用微生物菌肥对小麦和油菜种植的影响[D].西宁:青海师范大学, 2023: 34-37. ZHAO Z M. Effect of microbial fertilizer application on wheat and oilseed rape cultivation[D]. Xining: Qinghai Normal University, 2023: 34-37.
- [12] 王丹,赵亚光,马蕊,等.微生物菌肥对盐碱地枸杞土壤改良及细菌群落的影响[J]. *农业生物技术学报*, 2020, 28(8): 1499-1510. WANG D, ZHAO Y G, MA R, et al. Effects of microbial fertilizers on soil improvement and bacterial communities in saline-alkali soils of *Lycium barbarum*[J]. *Journal of Agricultural Biotechnology*, 2020, 28(8): 1499-1510.
- [13] 付健.木霉菌提高玉米耐盐碱机理及其对根际土壤微生物多样性的影响[D].大庆:黑龙江八一农垦大学, 2017: 113-114. FU J. *Trichoderma asperellum* to improve the saline-alkaline tolerance mechanisms of maize and its influence on soil microbial diversity[D]. Daqing: Heilongjiang Bayi Agricultural University, 2017: 113-114.
- [14] 周萌,张嘉俊,罗洋.微生物肥料的作用机理、现状及展望[J]. *中国农学通报*, 2023, 39(33): 68-75. ZHOU M, ZHANG J J, LUO Y. The mechanism, current status and prospects of microbial fertilizers[J]. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2023, 39(33): 68-75.
- [15] 决超,杨固君,王盛荣.化肥配施微生物菌肥及改良基质对土壤团聚体有机碳及微生物菌群结构的影响[J]. *江苏农业科学*, 2023, 51(19): 237-244. JUE C, YANG N J, WANG S R. Effects of chemical fertilizer combined with microbial fertilizer and improved substrate on soil aggregate organic carbon and microbial community structure[J]. *Jiangsu Agricultural Sciences*, 2023, 51(19): 237-244.
- [16] 刘赵帆,柳发财,李喜娥,等.降低化肥用量、配施微生物菌肥对设施黄瓜生长、品质及产量的影响[J]. *中国瓜菜*, 2024, 37(3): 71-

79. LIU Z F, LIU F C, LI X E, et al. Effects of reducing chemical fertilizer usage and implementing microbial fertilizer application on growth, quality and yield of cucumber[J]. *China Cucurbits and Vegetables*, 2024, 37(3):71-79.
- [17] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 3版. 北京: 中国农业出版社, 2000. BAO S D. Soil and agricultural chemistry analysis[M]. 3rd Edition. Beijing: China Agriculture Press, 2000.
- [18] 张丹. 微生物菌肥对不同品种辣椒生长及品质的影响[D]. 成都: 四川农业大学, 2023: 33-37. ZHANG D. Effects of microbial fertilizer on growth and quality of different pepper varieties[D]. Chengdu: Sichuan Agricultural University, 2023:33-37.
- [19] 陈荣宇, 钟玉娟, 谢大森, 等. 不同菜心品种的营养品质及外在感官品质评价分析[J]. 广东农业科学, 2020, 47(5):21-28. CHEN R Y, ZHONG Y J, XIE D S, et al. Evaluation analysis on nutritional quality and external sensory quality of Chinese flowering cabbage varieties[J]. *Guangdong Agricultural Sciences*, 2020, 47(5):21-28.
- [20] XIE Z C, FAN J S, CHARLES M T, et al. Preharvest ultraviolet-C irradiation: influence on physicochemical parameters associated with strawberry fruit quality[J]. *Plant Physiology and Biochemistry*, 2016, 108:337-343.
- [21] DUAN X Y, ZOU C L, JIANG Y F, et al. Effects of reduced phosphate fertilizer and increased *Trichoderma* application on the growth, yield, and quality of pepper[J]. *Plants*, 2023, 12(16):2998.
- [22] 何宇, 吕卫光, 李双喜, 等. γ -聚谷氨酸发酵液对小白菜生长及氮磷肥料利用率的影响[J]. 浙江农业学报, 2023, 35(2):329-337. HE Y, LÜ W G, LI S X, et al. Effects of γ -polyglutamic acid fermentation broth on growth of pakchoi and utilization rate of nitrogen and phosphorus fertilizer[J]. *Acta Agriculturae Zhejiangensis*, 2023, 35(2):329-337.
- [23] JIN L, JIN N, WANG S Y, et al. Changes in the microbial structure of the root soil and the yield of Chinese baby cabbage by chemical fertilizer reduction with bio-organic fertilizer application[J]. *Microbiology Spectrum*, 2022, 10(6):e0121522.
- [24] LIU S, WANG Z Y, NIU J F, et al. Changes in physicochemical properties, enzymatic activities, and the microbial community of soil significantly influence the continuous cropping of *Panax quinquefolius* L. (American ginseng) [J]. *Plant and Soil*, 2021, 463(1):427-446.
- [25] 王苗苗, 李波, 余光辉. 土壤类过氧化物酶活性对长期施肥的响应[J]. 土壤, 2023, 55(1):104-110. WANG M M, LI B, YU G H. Effects of long-term fertilization on peroxidase-like activities in soils [J]. *Soils*, 2023, 55(1):104-110.
- [26] 张婷凤. 海岸先锋植物滨麦抗风和抗盐生理可塑性研究[D]. 烟台: 鲁东大学, 2016:11-19. ZHANG T F. Study on the physiological plasticity of pioneer plant *Leymus mollis* grown in coast resistance to wind and salt[D]. Yantai: Ludong University, 2016:11-19.
- [27] 杜兆国, 肖洋, 张瑞豪, 等. 东北黑土区坡耕地侵蚀沟浅层土壤酶特征及其影响因素[J]. 中国水土保持, 2023(8):38-43. DU Z G, XIAO Y, ZHANG R H, et al. Characteristics of soil enzymes and its influencing factors in surface soil of eroded gullies on sloping farmland in the black soil region of northeast China[J]. *Soil and Water Conservation in China*, 2023(8):38-43.
- [28] LU Z R, ZHOU Y, LI Y M, et al. Effects of partial substitution of chemical fertilizer with organic manure on the activity of enzyme and soil bacterial communities in the mountain red soil[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2023, 14:1234904.
- [29] 金春娥, 姬强, 王亚麒, 等. 不同培肥措施对宁南旱地土壤酶活性和微生物多样性的影响[J]. 中国土壤与肥料, 2023(12):40-49. JIN C E, JI Q, WANG Y Q, et al. Effects of different fertilization measures on soil enzyme activity and microbial diversity in dryland of southern Ningnan[J]. *Soil and Fertilizer Sciences in China*, 2023(12):40-49.
- [30] 张薇, 王润泽, 李彤彤, 等. 黄土区农田土壤细菌和真菌群落对长期施氮的响应特征[J]. 植物营养与肥料学报, 2024, 30(2):232-241. ZHANG W, WANG R Z, LI T T, et al. Responses of bacterial and fungal community to long-term nitrogen application in Loess Plateau[J]. *Journal of Plant Nutrition and Fertilizers*, 2024, 30(2):232-241.
- [31] ZHANG J, GAO Y Z, DU Z J, et al. *Tumebacillus lacus* sp. nov., isolated from lake water[J]. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2023, 73(11):006153.
- [32] KANG M, CHHETRI G, KIM J, et al. *Tumebacillus amylolyticus* sp. nov., isolated from garden soil in Korea[J]. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2022, 72(5):005376.
- [33] SUNG H, KIM H S, LEE J Y, et al. *Tumebacillus avium* sp. nov., isolated from the gut of a cinereous vulture, *Aegypius monachus*[J]. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2018, 68(5):1659-1664.
- [34] 杜春梅. 芽孢杆菌在农业中的研究与应用[M]. 哈尔滨: 黑龙江大学出版社, 2013:38-43. DU C M. Research and application of *Bacillus* in agriculture[M]. Harbin: Heilongjiang University Press, 2013:38-43.
- [35] 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. DU S Y, YU M, LIU F H, et al. Effect of facility management regimes on soil bacterial diversity and community structure[J]. *Chinese Journal of Eco-Agriculture*, 2017, 25(11):1615-1625.
- [36] SEGERS F J J, MEIJER M, HOUBRAKEN J, et al. Xerotolerant *Cladosporium sphaerospermum* are predominant on indoor surfaces compared to other *Cladosporium* species[J]. *PLoS One*, 2015, 10(12):e0145415.
- [37] BENSCH K, GROENEWALD J Z, MEIJER M, et al. *Cladosporium* species in indoor environments[J]. *Studies in Mycology*, 2018, 89:177-301.
- [38] BENSCH K, GROENEWALD J Z, BRAUN U, et al. Common but different: the expanding realm of *Cladosporium*[J]. *Studies in Mycology*, 2015, 82:23-74.
- [39] DE WIT PIERRE J G M. *Cladosporium fulvum* effectors: weapons in the arms race with tomato[J]. *Annual Review of Phytopathology*, 2016, 54:1-23.
- [40] KONG H, GE S, CHANG X, et al. Integrated transcriptomic, proteomic, and metabolomic approaches reveal the antifungal mechanism of methyl ferulate against *Alternaria alternata*[J]. *Postharvest Biology and Technology*, 2024, 208:112682.
- [41] ILLESCAS M, RUBIO M B, HERNÁNDEZ-RUIZ V, et al. Effect of inorganic N top dressing and *Trichoderma harzianum* seed-inoculation on crop yield and the shaping of root microbial communities of wheat plants cultivated under high basal N fertilization [J]. *Frontiers in Plant Science*, 2020, 11:575861.

(责任编辑:李丹)