

张 苗, 陈 伟, 徐丽萍, 等. 基质栽培与土壤栽培对奶白菜生长及栽培介质中微生物区系的影响[J]. 江苏农业学报, 2020, 36(5): 1265-1273.

doi: 10.3969/j.issn.1000-4440.2020.05.025

## 基质栽培与土壤栽培对奶白菜生长及栽培介质中微生物区系的影响

张 苗<sup>1,2</sup>, 陈 伟<sup>1,2</sup>, 徐丽萍<sup>3</sup>, 刘新红<sup>1,2</sup>, 郭德杰<sup>1,2</sup>, 马 艳<sup>1,2</sup>, 严少华<sup>1,2</sup>, 罗 佳<sup>1,2</sup>

(1.江苏省农业科学院农业资源与环境研究所, 江苏 南京 210014; 2.农业农村部长江下游平原农业环境重点实验室, 江苏 南京 210014; 3.南京市六合区耕地质量保护站, 江苏 南京 211500)

**摘要:** 基质栽培方式有别于传统的土壤栽培方式,是未来农业发展的主要趋势之一。用有机栽培基质和普通菜园土进行奶白菜的盆栽试验,旨在揭示奶白菜在不同栽培介质下的生长状况及栽培介质中微生物区系的差异。结果表明,当总氮、总磷、总钾养分一致时,种植 30 d 后土壤栽培方式下的奶白菜株高、叶片 SPAD 值、地上部鲜质量均显著高于基质栽培方式( $P<0.05$ ),株高、地上部鲜质量分别比用基质栽培的奶白菜高 14.55%、42.19%,但是不同处理间的植株地上部干质量无显著差异。高通量数据分析结果显示,种植 30 d 后,2 种栽培介质中的微生物丰度指数均显著升高( $P<0.05$ ),并且种植 30 d 后基质中的微生物多样性指数显著提高( $P<0.05$ )。在不同栽培方式下,种植奶白菜前后的土壤、基质中均主要有 10 个细菌门,但是部分门类的相对丰度有明显差异,种植奶白菜前后土壤中各门类的相对丰度几乎无变化,而种植奶白菜后,基质中拟杆菌门(Bacteroidetes)的相对丰度(19.43%)显著低于种植前基质中的相对丰度(42.87%),且疣微菌门(Verrucomicrobia)、酸杆菌门(Acidobacteria)、芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)的相对丰度较种植前基质中的相对丰度有所升高。相对丰度排名前 20 的细菌属也由于 2 种栽培介质本身性质的差异而有不同的变化趋势,并且与环境指标的相关性也存在一定差异,其中在基质栽培方式下,分别有 14 个、14 个、13 个属与 pH 值、电导率(EC)、碳氮比(C/N)存在显著、极显著正相关或负相关关系( $P<0.05$ 或 $P<0.01$ ),而在土壤栽培方式下,分别只有 7 个、3 个、2 个属与 pH 值、EC、C/N 存在显著、极显著正相关或负相关关系( $P<0.05$ 或 $P<0.01$ ),可见基质栽培方式下的微生物区系受环境影响较大。综上可知,土壤栽培体系的微生物区系稳定性高于基质栽培体系,外在环境条件的改变不易造成微生物区系的变化;基质栽培体系的微生物区系稳定性比土壤栽培体系低,更宜采用人工调控使其向有利于植物生长的方向改变。

**关键词:** 基质栽培; 土壤栽培; 奶白菜; 微生物区系; 环境因子

**中图分类号:** S634.301 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-4440(2020)05-1265-09

## Influence of substrate cultivation and soil cultivation on the growth of milk Chinese cabbage and microbial community structures in different cultivation media

ZHANG Miao<sup>1,2</sup>, CHEN Wei<sup>1,2</sup>, XU Li-ping<sup>3</sup>, LIU Xin-hong<sup>1,2</sup>, GUO De-jie<sup>1,2</sup>, MA Yan<sup>1,2</sup>, YAN Shao-hua<sup>1,2</sup>, LUO Jia<sup>1,2</sup>

(1. Institute of Agricultural Resources and Environment, Jiangsu Academy of Agricultural Sciences, Nanjing 210014, China; 2. Key Laboratory of Agro-Environment in Downstream of Yangtze Plain, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Nanjing 210014, China; 3. Station of Farmland Quality Protection of Luhe District, Nanjing City, Nanjing 211500, China)

收稿日期: 2020-04-03

基金项目: 江苏省农业科技自主创新基金项目[ CX(19)2026 ]

作者简介: 张 苗(1988-), 女, 江苏扬州人, 硕士, 助理研究员, 主要从事农林剩余物基质化利用研究。(E-mail) zhangmiaojd@126.com

通讯作者: 罗 佳, (Tel) 025-84390205; (E-mail) luojia@jaas.ac.cn

**Abstract:** Substrate cultivation mode is a main trend of future agricultural developments which is different from traditional soil cultivation modes. This research aims to

reveal the difference of the growth of milk Chinese cabbage and the difference of microflora under different cultivation media, using organic cultivation substrate and soil from common vegetable gardens to carry out pot experiments of milk Chinese cabbages. The results show that, under the circumstance of equal total nitrogen, total phosphorus and total potassium nutrients, the plant height, *SPAD* value of leaves, above-ground fresh weight of milk Chinese cabbage under soil cultivation mode were all significantly higher than that under substrate cultivation mode ( $P < 0.05$ ), the plant height, above-ground fresh weight was respectively 14.55%, 42.19% higher than that using substrate cultivation 30 d after planting, but the above-ground dry weight of plants between two treatments showed no significant difference. The results of high-throughput data analysis showed that the microbial abundance indices of two cultivation media increased significantly ( $P < 0.05$ ) 30 d after planting, and the microbial diversity indices in the substrate increased significantly ( $P < 0.05$ ) after planting. There were mainly ten phyla in soil and substrate before and after planting milk Chinese cabbage under different cultivation modes, but there were obvious differences of relative abundance at the phylum level, while the relative abundance in soil showed nearly no change before and after planting milk Chinese cabbage. Relative abundance of Bacteroidetes in the substrate (19.43%) after planting milk Chinese cabbage was significantly lower than that before planting (42.87%), and the relative abundance of Verrucomicrobia, Acidobacteria, Gemmatimonadetes in the substrate after planting also rised compared with that before planting. The top 20 microbial genera ranked by relative abundance also showed different changes due to different properties of the two cultivation media, and there were also some differences in their correlation with the environmental indices. Under the mode of substrate cultivation, there were 14, 14, 13 genera showed significant, extreme significant positive or negative correlation ( $P < 0.05$  or  $P < 0.01$ ) with pH value, electrical conductivity (*EC*), ratio of carbon to nitrogen (*C/N*), respectively. While under the mode of soil cultivation, only seven, three, two genera showed significant, extreme significant positive or negative correlation ( $P < 0.05$  or  $P < 0.01$ ) with pH value, *EC*, *C/N*, respectively. It can be seen that microflora was greatly affected by the environment under substrate cultivation mode. In conclusion, the microflora stability of the soil cultivation system is higher than that of the substrate cultivation system, changes in external environmental conditions are not likely to cause changes in the microflora. The stability of the microflora in the substrate cultivation system is lower than that in the soil cultivation system, and it is preferable to use artificial control to make it improve toward the direction beneficial to plant growth.

**Key words:** substrate cultivation; soil cultivation; milk Chinese cabbage; microflora; environmental factors

近年来,无土栽培由于具有能有效避免连作障碍、节水节肥及生产可控性高等优势而得到迅速发展,有机基质栽培作为其中一种形式,在蔬菜育苗和生产中的应用已经得到人们的认可。土壤栽培作为传统的栽培方式,在种植规模等方面依然存在很大优势,此外,作为农业生产的基础,土壤也具有不可替代的地位。无土栽培与土壤栽培这2种栽培方式都是根据作物生长发育所必需的环境条件,给作物提供充足的养分、适宜的根际温度、供氧状况及酸碱度等,通过人为栽培来获得人们所必需的产品,但是由于这2种栽培介质在物理化学性质等方面都存在较大差异,因而对于作物生长及微生物区系的变迁也有着不同影响。

土壤微生物是栖居在土壤中的细菌、放线菌、真菌等微小的生物,是土壤生态中的重要组成部分,在不同类型的土壤中生活着各种各样结构各异的微生物类群,这些微生物在肥力、植物营养循环和生态平衡等方面起着极其重要的作用<sup>[1]</sup>,并且其结构的稳定性对于作物的健康生长至关重要,因此很有必要研究微生物

对外界环境条件改变作出的响应,尤其是在环境问题日益突出的当下,已有越来越多的研究集中于土壤微生物与土壤生态系统功能稳定性之间的关系。然而,微生物区系的结构和优势功能类群也会受到各种外界环境如植被种类、环境酸碱度、盐分含量、有机质和温度等因素的直接或间接影响而不断演变<sup>[2-6]</sup>。

本研究利用土壤、有机基质作为栽培介质,通过比较在这2种栽培介质条件下奶白菜生长的差异及栽培前后介质环境中微生物区系的变化,以期了解在这2种栽培方式下种植前后微生物区系的演变规律,从而为在基质栽培和土壤栽培过程中通过构建健康微生态来实现优质生产提供基础。

## 1 材料与方法

### 1.1 供试材料

供试奶白菜品种为火箭小黄白,购自昆明九华农业发展有限公司。供试基质由江苏省农业科学院六合动物科学基地堆肥厂生产,且未经使用,基质的

基本理化性状如下:pH 值 6.47,电导率( $EC$ ) 1.54 mS/cm,容质量 0.20 g/cm<sup>3</sup>,总孔隙度 87.95%,通气孔隙度 10.11%,有机质含量 45.23%,总氮含量 0.76%,总磷含量 0.34%,总钾含量 1.22%,速效磷含量 1.75 g/kg,速效钾含量 4.10 g/kg。供试土壤采自江苏省农业科学院六合动物科学基地普通大棚,种植过其他蔬菜但未种植过奶白菜,其基本理化性状如下:pH 值 6.98, $EC$  0.44 mS/cm,容质量 1.07 g/cm<sup>3</sup>,总孔隙度 62.91%,通气孔隙度 5.76%,有机质含量 1.98%,总氮含量 0.13%,总磷含量 0.09%,总钾含量 0.65%,速效磷含量 0.14 g/kg,速效钾含量 4.71 g/kg。

## 1.2 试验设计

栽培试验在江苏省农业科学院六合动物科学基地栽培大棚内进行。盆栽试验设基质栽培(J)、土壤栽培(T)2个处理。分别将相同体积的栽培介质加入盆钵中,并以氮、磷、钾高养分值为准补齐养分,以保持处理间的氮、磷、钾总养分含量一致。每个处理重复20次,随机排列,于奶白菜三叶一心期移栽,并分别于移栽后0 d、15 d、30 d测定奶白菜的株高、叶片SPAD值、地上部鲜质量、地上部干质量等指标。

采集土壤及基质的初始样品(TQ表示种植奶白菜前的土壤,JQ表示种植奶白菜前的基质)后,将一部分样品于-80℃保存,用于细菌的高通量测序分析;将另一部分样品于阴凉处自然风干、过筛,用于测定pH值、 $EC$ 、总养分含量等理化性质。奶白菜移栽后,分别于移栽后15 d、30 d随机选取3盆,将土壤、基质样品(TH表示种植奶白菜后的土壤,JH表示种植奶白菜后的基质)过干净的10目筛,以除去非土壤、基质组成部分,如植株根部残体、石块等,将过筛的新鲜土壤和基质样品也分成2份进行保存或处理,其中一份于阴凉处自然风干、过筛,用于测定pH值、 $EC$ 、总养分含量等理化性质,另一份保存于-80℃冰箱中,用于细菌高通量测序分析。

## 1.3 土壤、基质样品理化性质的测定

pH值、 $EC$ 的测定:将样品与去离子水按1:5的质量比混合后,在水平摇床上以180 r/min的转速振荡40 min,静置后测定pH值、 $EC$ 值。化学指标的测定采用常规方法<sup>[7]</sup>:将基质经H<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>-H<sub>2</sub>O<sub>2</sub>消煮后分别测定其全氮含量、全磷含量、全钾含量;将土壤经H<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>-混合催化剂消煮后测定其全氮含量,将土壤经HNO<sub>3</sub>-HClO<sub>4</sub>-HF消煮后分别测定其全磷含

量、全钾含量。全氮含量采用凯氏定氮仪测定,全磷含量采用钼锑抗比色法测定,全钾含量使用火焰光度计测定;基质中的有机质含量采用烧失法测定,土壤中的有机质含量采用重铬酸钾氧化法测定。

## 1.4 微生物区系测定分析

采用MP FastDNA SPIN Kit for Soil提取土壤和基质中的总DNA,之后进行细菌16S rRNA V4区扩增,扩增采用的引物序列如下:515F, 5'-GTGCCAGC-MGCCGCGGTAA-3'; 806R, 5'-GGACTACHVGGGT-WTCTAAT-3',采用Illumina MiSeq平台进行高通量测序。所有PCR扩增、文库准备与检测及上机测序分析均由上海天昊生物科技有限公司完成。

## 1.5 数据分析

用Excel 2013和SPSS 18.0软件进行数据统计与分析,使用最小显著性差异法(Least significant difference, LSD)进行多重比较。

# 2 结果与分析

## 2.1 不同栽培介质对奶白菜生长的影响

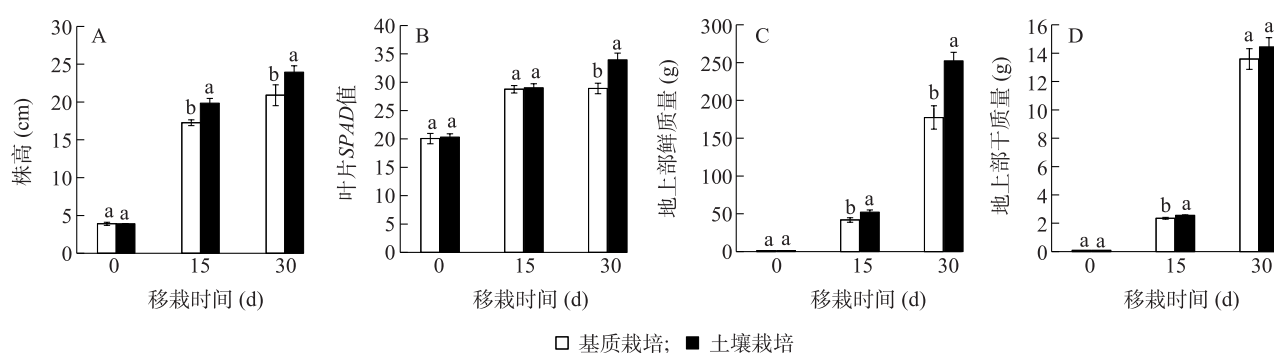
由图1可以看出,在移栽起始阶段(0 d),奶白菜的株高、叶片SPAD值、地上部干质量、地上部鲜质量等各指标在基质栽培、土壤栽培2种栽培方式间的差异均不显著;移栽15 d,土壤栽培的奶白菜株高、地上部干质量、地上部鲜质量分别比基质栽培奶白菜的相应数值高15.06%、8.51%、24.70%,并且2种栽培方式间的差异均显著( $P<0.05$ ),而植株叶片SPAD值在2种栽培方式间无显著差异;移栽30 d,土壤栽培的奶白菜株高、叶片SPAD值、地上部鲜质量均显著高于基质栽培奶白菜的相应数值,其中土壤栽培的奶白菜株高、地上部鲜质量分别达到23.94 cm、252.30 g,分别比基质栽培的奶白菜株高、地上部鲜质量高14.55%、42.19%,而奶白菜地上部干质量在2种栽培方式间无显著差异,可能是因为土壤栽培奶白菜的含水量(94.28%)高于基质栽培奶白菜的含水量(92.34%),由此造成2种栽培方式下奶白菜植株的干质量差异不显著,具体可能与基质栽培方式比土壤栽培方式对水分管理的要求更精细相关。

## 2.2 种植奶白菜前后土壤及基质中微生物群落和结构的差异

如表1所示,种植奶白菜后基质和土壤中的可操作分类单元数(OTU)均较种植奶白菜前有所增加,其中种植奶白菜后基质中的OTU达到了

4 145.00个,相较于种植奶白菜前增加了 52.43%;在土壤栽培方式下,种植奶白菜后土壤中的 OTU 达到了 3 473.67个,相较于种植奶白菜前只增加了 5.65%,可见种植奶白菜后基质栽培方式下的 OTU 增幅明显高于土壤栽培方式下的 OTU 增幅。此外,由表 1 中的微生物丰度指数(Chao1 指数、Ace 指数)看出,种植奶白菜后土壤、基质中的微生物丰度与种植奶白菜前相比均显著提高,种植奶白菜前土壤中的微生物丰度显著高于基质,但是种植结束后基质中的微生物丰度显著提升并且显著高于土壤中

的微生物丰度;由微生物多样性指数(Shannon 指数、InvSimpson 指数)看出,种植奶白菜前土壤的微生物多样性显著高于基质,种植结束后基质的 Shannon 指数则显著高于土壤的 Shannon 指数,而种植结束后土壤、基质的 InvSimpson 指数间差异不显著。综上可见,在土壤栽培方式下,种植奶白菜前后的微生物多样性指数没有发生显著变化,而在基质栽培方式下,微生物多样性指数在种植奶白菜后则较种植奶白菜前有显著提升。



A:不同移栽时间的株高;B:不同移栽时间的叶片 SPAD 值;C:不同移栽时间的地上部鲜质量;D:不同移栽时间的地上部干质量。在同一时间的不同处理间标有不同小写字母表示差异显著( $P < 0.05$ )。

图 1 基质栽培和土壤栽培对奶白菜株高、叶片 SPAD 值、地上部鲜质量、地上部干质量的影响

Fig.1 Effects of soil cultivation and substrate cultivation on plant height, SPAD value of leaves, fresh weight and dry weight of above-ground part of milk Chinese cabbage

表 1 种植奶白菜前后基质和土壤中的微生物丰度及多样性指数

Table 1 Microbial abundance and diversity indices in soils and substrates before and after planting milk Chinese cabbage

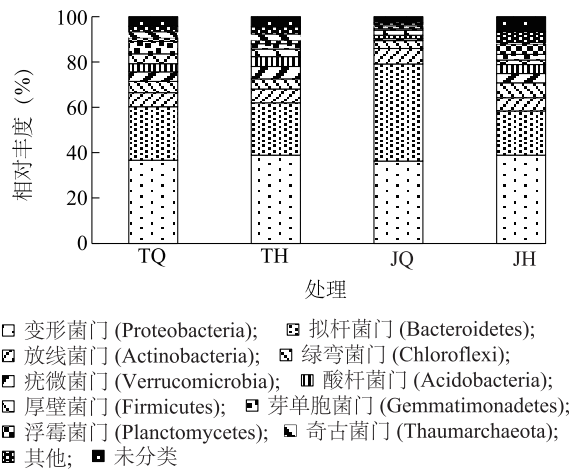
栽培介质	观测到的 OTU 数(个)	Chao1 指数	Ace 指数	Shannon 指数	InvSimpson 指数
TQ	3 288.00±81.07c	4 191.35±189.89c	4 231.81±101.13c	6.27±0.08b	0.994±0.000 613a
JQ	2 719.33±44.28d	3 854.20±87.93d	3 833.37±105.40d	5.38±0.09c	0.977±0.004 070b
TH	3 473.67±88.22b	4 544.29±68.75b	4 592.79±48.08b	6.37±0.07b	0.995±0.000 533a
JH	4 145.00±29.72a	5 253.87±15.71a	5 238.59±32.99a	6.85±0.03a	0.997±0.000 220a

JH 表示种植奶白菜后的基质,TH 表示种植奶白菜后的土壤,JQ 表示种植奶白菜前的基质,TQ 表示种植奶白菜前的土壤,OTU 表示可操作分类单元数。同一列数据后标有不同小写字母的表示具有显著差异( $P < 0.05$ )。

如图 2 所示,在不同栽培方式下,种植奶白菜前后土壤和基质中的细菌门组成大致相似,仅部分门类的相对丰度有明显差异,土壤栽培方式下的各门类相对丰度在种植奶白菜前后变化较小,而基质栽培方式下的各门类相对丰度在种植奶白菜前后变化较大。在所有门类中,变形菌门(Proteobacteria)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、放线菌门(Actinobacteria)、绿弯菌门(Chloroflexi)是细菌相对丰度较高的 4 个门,这 4 个门类的序列数共占细菌总序列数的 70%以上。在用基质种植奶白菜前(JQ),基质中拟杆菌门的相对丰

度(42.87%)显著高于种植奶白菜后基质(JH)中的相对丰度(19.43%),在用基质种植奶白菜结束后,基质中疣微菌门(Verrucomicrobia)、酸杆菌门(Acidobacteria)、芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)等的相对丰度均较种植奶白菜前有所提高;在用土壤种植奶白菜后,土壤中芽单胞菌门的相对丰度较种植奶白菜前明显降低,且与基质中芽单胞菌门相对丰度的变化趋势相反,而土壤中疣微菌门、酸杆菌门的相对丰度在种植奶白菜后较种植奶白菜前表现出一定程度的升高趋势。

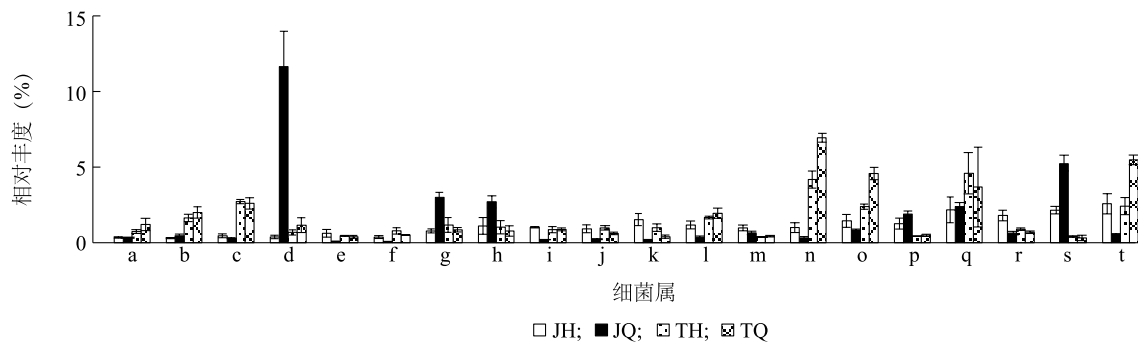




JH:种植奶白菜后的基质;TH:种植奶白菜后的土壤;JQ:种植奶白菜前的基质;TQ:种植奶白菜前的土壤。相对丰度为各细菌门的序列数占总序列数的比例。

图2 种植奶白菜前后土壤及基质中细菌门的相对丰度

Fig.2 Relative abundance of bacterial phyla in soils and substrates before and after planting milk Chinese cabbage



JH:种植奶白菜后的基质;TH:种植奶白菜后的土壤;JQ:种植奶白菜前的基质;TQ:种植奶白菜前的土壤。a:降解类固醇杆菌属(*Steroidobacter*);b:芽孢杆菌属(*Bacillus*);c:亚硝化球菌属(*Nitrososphaera*);d:噬几丁质菌属(*Chitinophaga*);e:小梨形菌属(*Pirellula*);f:*Saccharibacteria\_genera\_incertae\_sedis*;g:地杆菌属(*Pedobacter*);h:假单胞菌属(*Pseudomonas*);i:酸杆菌 Gp6 属(*Gp6*);j:丰祐菌属(*Opitutus*);k:*Aridibacter*;l:*Subdivision3\_genera\_incertae\_sedis*;m:伪壶担菌属(*Pseudolabrys*);n:鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*);o:*Ohtaekwangia*;p:链霉菌属(*Streptomyces*);q:黄杆菌属(*Flavobacterium*);r:德沃斯氏菌属(*Devosia*);s:产黄杆菌属(*Rhodanobacter*);t:芽单胞菌属(*Gemmatimonas*)。相对丰度为各细菌属的序列数占总序列数的比例。

图3 种植奶白菜前后土壤及基质中相对丰度排名前20的细菌属的相对丰度

Fig.3 Relative abundance of the top 20 bacterial genera ranked by relative abundance in soils and substrates before and after planting milk Chinese cabbage

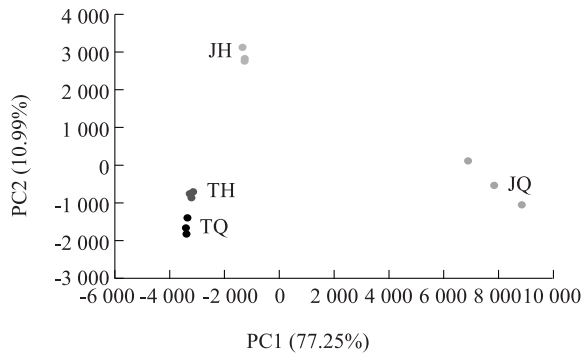
在土壤栽培方式下,种植奶白菜前后各属的相对丰度变化有一定差异,其中产黄杆菌属、德沃斯氏菌属、黄杆菌属、*Aridibacter*、丰祐菌属、假单胞菌属、地杆菌属、*Saccharibacteria\_genera\_incertae\_sedis*、小梨形菌属和 *Nitrososphaera* 在种植奶白菜后的相对丰度较种植奶白菜前有所升高,芽单胞菌属、链霉菌属、*Ohtaekwangia*、鞘氨醇单胞菌属、伪壶担菌属、*Subdivision3\_genera\_incertae\_sedis*、酸杆菌 Gp6 属、噬几丁质菌属、芽孢杆菌属和降解类固醇杆菌属在种植奶白菜后的

图3为各栽培方式下栽培介质中相对丰度最高的20个属,可以看出,在基质栽培方式下,芽单胞菌属(*Gemmatimonas*)、德沃斯氏菌属(*Devosia*)、*Ohtaekwangia*、鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)、伪壶担菌属(*Pseudolabrys*)、*Subdivision3\_genera\_incertae\_sedis*、*Aridibacter*、丰祐菌属(*Opitutus*)、酸杆菌 Gp6 属(*Gp6*)、*Saccharibacteria\_genera\_incertae\_sedis*、小梨形菌属(*Pirellula*)、亚硝化球菌属(*Nitrososphaera*)和降解类固醇杆菌属(*Steroidobacter*)在种植奶白菜后的相对丰度均表现出较种植奶白菜前升高的趋势,而产黄杆菌属(*Rhodanobacter*)、黄杆菌属(*Flavobacterium*)、链霉菌属(*Streptomyces*)、假单胞菌属(*Pseudomonas*)、地杆菌属(*Pedobacter*)、噬几丁质菌属(*Chitinophaga*)、芽孢杆菌属(*Bacillus*)和降解类固醇杆菌属(*Steroidobacter*)的相对丰度在种植奶白菜后则表现出较种植奶白菜前降低的趋势,其中噬几丁质菌属的下降幅度达到90%以上。

相对丰度与种植奶白菜前相比呈下降趋势。

基于 OTU 组成的主成分分析结果表明,基质和土壤中的细菌群落结构差异明显,第1主成分和第2主成分共能解释细菌群落结构88.24%的变化,其中第1主成分能够解释77.25%的变化,第2主成分能够解释10.99%的变化,种植奶白菜前基质中的微生物群落在第1主成分(PC1)明显区别于种植奶白菜后的基质及种植奶白菜前后的土壤,种植奶白菜后基质中的微生物群落在第2主成分(PC2)明显

区分于种植奶白菜前、种植奶白菜后的土壤,而种植奶白菜前、种植奶白菜后土壤中的微生物群落第 1 主成分与第 2 主成分间无显著区别(图 4)。



JH: 种植奶白菜后的基质; TH: 种植奶白菜后的土壤; JQ: 种植奶白菜前的基质; TQ: 种植奶白菜前的土壤; PC1: 主成分 1; PC2: 主成分 2。每个处理对应的 3 个点表示 3 次重复。

图 4 种植奶白菜前后土壤及基质中微生物群落主成分分析结果

Fig.4 Results of principal component analysis on microbial communities in soils and substrates before and after planting milk Chinese cabbage

表 2 种植奶白菜前后基质及土壤 pH、电导率 (EC) 及碳、氮、磷的化学计量比

Table 2 pH, EC and stoichiometric ratio of C, N, P in substrates and soils before and after planting milk Chinese cabbage

栽培介质	pH	EC	碳/氮	碳/磷	氮/磷
TQ	6.98±0.08c	0.44±0.03c	7.66±0.12c	11.69±0.20c	1.53±0.01b
JQ	6.47±0.02d	1.54±0.03a	34.46±0.87b	76.66±4.25b	2.22±0.11a
TH	7.36±0.04b	0.49±0.04c	7.39±0.07d	11.66±0.42c	1.58±0.08b
JH	7.68±0.16a	0.67±0.03b	40.35±1.02a	89.26±9.23a	2.21±0.17a

JH 表示种植奶白菜后的基质, TH 表示种植奶白菜后的土壤, JQ 表示种植奶白菜前的基质, TQ 表示种植奶白菜前的土壤。EC: 电导率。同一时间、同一列数据后标有不同小写字母表示具有显著差异 ( $P < 0.05$ )。

由表 3 可以看出, 土壤和基质中相对丰度排名前 20 的细菌属与各环境指标间的相关性存在较大差异。在用土壤栽培奶白菜条件下, *Aridibacter*、德沃斯氏菌属、芽单胞菌属和 *Saccharibacteria\_genera\_incertae\_sedis* 与土壤 pH 值呈显著正相关 ( $P < 0.05$ ), 芽单胞菌属、*Ohtaekwangia* 和鞘氨醇单胞菌属则与土壤 pH 值呈显著或极显著负相关 ( $P < 0.05$  或  $P < 0.01$ ); 德沃斯氏菌属、地杆菌属和 *Saccharibacteria\_genera\_incertae\_sedis* 与土壤 EC 呈显著正相关 ( $P < 0.05$ ); *Ohtaekwangia* 和 *Subdivision3\_genera\_incertae\_sedis* 与土壤 C/N 呈显著正相关 ( $P < 0.05$ ); 而土壤碳/磷、氮/磷与相对丰度排名前 20 的细菌属间均不存在显著正相关或者显著负相关关系。在用基质栽培奶白菜条件下, 各个属与环境指标间的相关性与

## 2.3 不同栽培介质化学计量特征的差异及对微生物区系的影响

由表 2 可以看出, 种植奶白菜后, 土壤和基质的 pH 值均较种植前有所提升, 基质的 pH 值从种植奶白菜前的 6.47 上升到种植奶白菜后的 7.68, 升幅达到 18.70%, 土壤的 pH 值则从种植奶白菜前的 6.98 上升至种植奶白菜后的 7.36。基质、土壤中的 EC 在种植奶白菜前后也表现出一定的变化, 与种植奶白菜前相比, 在种植奶白菜后, 基质的 EC 显著降低, 而土壤的 EC 在种植奶白菜前后则无显著变化。碳、氮、磷是植物生长发育过程中重要的营养元素, 也是微生物生存的物质基础, 由表 2 还可以看出, 土壤的碳/磷和氮/磷在种植奶白菜前后均无显著变化, 而 C/N 在种植奶白菜后与种植奶白菜前相比显著降低; 基质的 C/N、碳/磷在种植奶白菜后与种植奶白菜前相比显著升高, 其中 C/N 从种植奶白菜前的 34.46 升高至种植奶白菜后的 40.35, 碳/磷从种植奶白菜前的 76.66 升高至种植奶白菜后的 89.26, 氮/磷在种植奶白菜前后无显著变化。

用土壤栽培奶白菜相比差异较大, *Aridibacter*、德沃斯氏菌属、芽单胞菌属、酸杆菌 *Gp6* 属、丰祐菌属、小梨形菌属、*Saccharibacteria\_genera\_incertae\_sedis*、鞘氨醇单胞菌属和 *Subdivision3\_genera\_incertae\_sedis* 与基质 pH 值呈显著或极显著正相关 ( $P < 0.05$  或  $P < 0.01$ ), 噬几丁质菌属、地杆菌属、假单胞菌属、产黄杆菌属和链霉菌属则与基质 pH 值呈显著或极显著负相关 ( $P < 0.05$  或  $P < 0.01$ ); 基质 EC 与各属间的相关性表现为芽孢杆菌属、黄杆菌属、亚硝化球菌属、*Ohtaekwangia*、伪壶担菌属 (*Pseudolabrys*) 和降解类固醇杆菌属与基质 EC 无显著相关性, 噬几丁质菌属、地杆菌属、假单胞菌属、产黄杆菌属和链霉菌属与基质 EC 呈显著或极显著正相关 ( $P < 0.05$  或  $P < 0.01$ ), 其余 9 个属与基质 EC 呈显著或极显著负相

关( $P<0.05$  或  $P<0.01$ );  $C/N$  对微生物代谢有很大影响,它与基质栽培方式下基质中相对丰度排名前 20 的属中的 13 个属存在显著或极显著的相关性( $P<0.05$  或  $P<0.01$ ),其中 *Aridibacter*、德沃斯氏菌属、芽单胞菌属、酸杆菌 *Gp6* 属、丰祐菌属、伪壶担菌属、*Saccharibacteria\_genera\_incertae\_sedis*、鞘氨醇单胞菌属和 *Subdivision3\_genera\_incertae\_sedis* 与基质  $C/N$  呈显著或极显著正相关( $P<0.05$  或  $P<0.01$ ),

噬几丁质菌属、地杆菌属、假单胞菌属和产黄杆菌属与基质  $C/N$  呈显著或极显著负相关( $P<0.05$  或  $P<0.01$ );德沃斯氏菌属、芽单胞菌属、伪壶担菌属、*Saccharibacteria\_genera\_incertae\_sedis* 和鞘氨醇单胞菌属与基质碳/磷呈显著或极显著正相关( $P<0.05$  或  $P<0.01$ );基质氮/磷与相对丰度排名前 20 的细菌属均不存在显著正相关或者显著负相关关系。

表 3 基质及土壤中相对丰度排名前 20 的细菌属与环境指标的相关性

Table 3 Correlations of the top 20 bacterial genera ranked by relative abundance with environmental indices in substrates and soils

细菌属名	土壤栽培奶白菜					基质栽培奶白菜				
	pH	EC	C/N	碳/磷	氮/磷	pH	EC	C/N	碳/磷	氮/磷
<i>Aridibacter</i>	0.87 *	0.40	-0.80	0.25	0.67	0.93 **	-0.95 **	0.86 *	0.50	-0.33
芽孢杆菌属( <i>Bacillus</i> )	-0.61	-0.48	0.46	0.60	0.10	-0.75	0.69	-0.79	-0.77	-0.30
噬几丁质菌属( <i>Chitinophaga</i> )	-0.43	-0.27	0.68	0.07	-0.37	-0.97 *	0.96 *	-0.96 *	-0.78	-0.05
德沃斯氏菌属( <i>Devosia</i> )	0.88 *	0.87 *	-0.67	-0.48	0.11	0.96 **	-0.93 **	0.98 **	0.86 *	0.16
黄杆菌属( <i>Flavobacterium</i> )	0.20	0.36	-0.37	-0.67	-0.21	-0.07	0.24	-0.19	-0.15	0.02
芽单胞菌属( <i>Gemmatimonas</i> )	-0.94 **	-0.71	0.76	0.15	-0.38	0.92 **	-0.92 **	0.98 **	0.90 *	0.23
酸杆菌 <i>Gp6</i> 属( <i>Gp6</i> )	-0.17	-0.71	0.04	0.63	0.39	1.00 **	-0.99 **	0.96 **	0.73	-0.06
亚硝化球菌属( <i>Nitrososphaera</i> )	0.05	0.03	-0.49	0.35	0.53	0.67	-0.74	0.61	0.16	-0.59
<i>Ohtaekwangia</i>	-0.90 *	-0.61	0.87 *	0.04	-0.52	0.67	-0.79	0.73	0.48	-0.18
丰祐菌属( <i>Opitutus</i> )	0.84 *	0.28	-0.71	0.29	0.64	0.85 *	-0.92 **	0.91 *	0.72	0.00
地杆菌属( <i>Pedobacter</i> )	0.59	0.82 *	-0.25	-0.54	-0.20	-0.98 *	0.98 *	-0.93 *	-0.71	0.06
小梨形菌属( <i>Pirellula</i> )	0.61	0.19	-0.22	0.30	0.35	0.83 *	-0.89 *	0.77	0.38	-0.43
伪壶担菌属( <i>Pseudolabrys</i> )	-0.46	-0.56	0.57	0.51	-0.02	0.76	-0.78	0.92 *	0.92 **	0.36
假单胞菌属( <i>Pseudomonas</i> )	0.46	0.80	-0.26	-0.77	-0.35	-0.83 *	0.91 *	-0.88 *	-0.61	0.18
产黄杆菌属( <i>Rhodanobacter</i> )	0.60	0.55	-0.26	-0.13	0.09	-0.97 **	0.98 **	-0.94 **	-0.63	0.22
<i>Saccharibacteria_genera_incertae_sedis</i>	0.82 *	0.89 *	-0.71	0.06	0.49	0.89 *	-0.94 **	0.96 **	0.83 *	0.12
鞘氨醇单胞菌属( <i>Sphingomonas</i> )	-0.92 *	-0.61	0.67	0.22	-0.28	0.87 *	-0.85 *	0.95 **	0.95 **	0.35
降解类固醇杆菌属( <i>Steroidobacter</i> )	-0.72	-0.63	0.68	0.43	-0.15	0.17	-0.15	-0.11	-0.37	-0.52
链霉菌属( <i>Streptomyces</i> )	-0.75	-0.75	0.58	0.32	-0.16	-0.81 *	0.81 *	-0.65	-0.21	0.58
<i>Subdivision3_genera_incertae_sedis</i>	-0.56	-0.80	0.83 *	0.26	-0.35	0.88 *	-0.94 **	0.88 *	0.60	-0.18

\* 表示显著相关( $P<0.05$ ), \*\* 表示极显著相关( $P<0.01$ )。EC:电导率。

### 3 讨论

土壤是陆地农业生态系统的重要组成部分,土壤栽培一直是整个农业生产中最重要的方式。而随着近几年来设施栽培的发展,有机基质栽培越来越为人们广泛接受和利用。土壤栽培、有机基质栽培这 2 种栽培方式均有自身的优缺点。本试验用这 2 种栽培介质种植奶白菜,观察在总养分条件一致的

情况下,不同栽培介质对植株生长的影响及这 2 种栽培介质在种植奶白菜前后其微生物区系变化的差异。

结果表明,在总养分一致的情况下,移栽 30 d 后,用土壤栽培的奶白菜地上部鲜质量显著高于用基质栽培的奶白菜地上部鲜质量,而奶白菜干质量在 2 种栽培方式下则无显著差异,说明在养分相同的情况下,这 2 种栽培介质对奶白菜植株干物质的



积累无显著差异,但是对植株含水量的影响有差异,这可能是由有机基质的保水性能较差造成的<sup>[8-9]</sup>,较差的保水性能也导致在种植过程中基质水分散失较快,在管理不够精细的情况下容易导致植株生长过程中的可用水含量降低,从而使作物的含水量低于土壤栽培方式下的植株含水量。在种植结束后,从基质和土壤中观测到的 OTU 及微生物丰度均显著增加,说明种植作物后,整个土壤体系或者基质体系中的微生物丰度与种植前相比有所提高<sup>[10-11]</sup>。在基质种植方式下,由于各原材料的加工涉及发酵、晾干、高温处理和粉碎等过程,使得微生物量不断减少,也使得刚生产的商品基质中的微生物丰度较低,而用基质种植作物后,基质中合适的水分含量,为微生物活动提供了必要条件<sup>[12-13]</sup>。另外,基质中丰富的有机类物质及作物根系的各种互作也为微生物活动提供了有利条件<sup>[14-15]</sup>,使得种植奶白菜后基质中的微生物丰度大大提升。种植结束后,土壤的微生物多样性并未显著增加,这可能是由于大棚土壤在种植多茬其他蔬菜后,土壤中微生物区系的稳定性得到了提升<sup>[16]</sup>。由本研究结果还可以看出,即使换种 1 茬奶白菜,土壤区系的微生物多样性也没有发生较显著的变化。吴凤芝等<sup>[17]</sup>的研究结果显示,轮作有利于提高土壤微生物群落的多样性和稳定性,在本研究中,种植奶白菜后基质中的微生物丰度、多样性显著提高,基质中的初始微生物大部分是各种原料中的原著微生物,种植奶白菜后,基质的生态环境发生了变化,微生物的优势生理功能类群发生了改变,基质中较高含量的各类有机物质诱导了各类细菌等微生物的增长<sup>[18]</sup>,而微生物的增多又加剧了有机质的分解<sup>[19]</sup>,并且在与作物根系的互作及其他各种环境因素的影响下,微生物区系结构发生了较大变化<sup>[20-21]</sup>。

土壤或基质中细菌的各个生理类群直接参与了种植环境中的物质循环,细菌生理类群的种类和数量直接反映种植生态环境系统结构的稳定性和差异性<sup>[22-25]</sup>。由于种植微环境及介质理化性质的差异,各种类群的微生物在种植前后相对丰度的变化也各不相同。Fierer 等<sup>[26]</sup>研究发现,土壤细菌群落的多样性和丰度都与其生态环境相关,其中土壤 pH 值是最大的影响因子。本研究结果显示,在土壤栽培方式下,排名前 20 的细菌属中有 7 个属与 pH 值存在显著正相关或显著负相关关系,而在基质栽培方

式下,有 14 个属与 pH 值存在显著正相关或显著负相关关系,可见基质 pH 值的变化对微生物群落变化的影响高于土壤 pH 值的变化。土壤或基质的电导率以数字形式表示土壤或基质溶液的导电能力,反映了两者的水盐状况,电导率的变化也会对微生物群落产生较大影响。在本研究中,在基质栽培方式下,有 14 个细菌属与 EC 存在显著或极显著相关性,而在土壤栽培方式下只有 3 个细菌属与 EC 存在显著正相关。张晓晓等<sup>[27]</sup>的研究结果显示,真菌的多样性与土壤的电导率呈极显著负相关,而王少昆等<sup>[28]</sup>的研究结果则显示,各类群的微生物数量与电导率呈显著正相关,邓利廷等<sup>[29]</sup>的研究结果也显示,电导率是影响微生物数量和分布的主要环境因子。C、N 是微生物生长所必需的营养元素,在不同 C/N 下的微生物种群存在一定差异,基质中与 C/N 呈显著或极显著相关的属有 13 个,土壤中只有 *Ohtarkwangia*、*Subdivision3\_genera\_incertae\_sedis* 2 个属与 C/N 呈显著正相关,可能是由于土壤在种植奶白菜前后的 C/N 较为稳定,与微生物变化的相关性较小,而基质中有机质含量较高(45.23%),初始 C/N 达到 34.46,在环境中物质变化及作物根系互作的共同影响下,基质中的微生物也有了较大变化。

## 4 结 论

在总氮、总磷、总钾养分一致的情况下,移栽 30 d 后,用土壤栽培的奶白菜的生物性状(地上部鲜质量、株高、SPAD 值)显著优于用基质栽培的奶白菜,但在 2 种栽培方式间奶白菜的干物质积累量无显著差异。在土壤栽培、基质栽培 2 种栽培模式下,环境中优势微生物种群也表现出不同的变化趋势,但是用土壤栽培奶白菜前后土壤环境微生物区系的相似性较高,区系组成变化很小,基质栽培处理则相反,表明土壤栽培体系的微生物区系稳定性高于基质栽培体系,外在环境条件的改变不易造成微生物区系的较大变化,而在基质栽培方式下,微生物区系的稳定性比土壤栽培方式下低,更易通过人工调控来使其朝着有利于植物生长的方向改变,后续可从此方面入手开展进一步研究。

## 参考文献:

- [1] 蒋 婧,宋明华.植物与土壤微生物在调控生态系统养分循环中的作用[J].植物生态学报,2010,34(8):979-988.



- [2] 谢龙莲,陈秋波,王真辉,等. 环境变化对土壤微生物的影响[J]. 热带农业科学,2004,24(3):39-47.
- [3] 王世强,胡长玉,程东华,等. 调节茶园土壤 pH 对其土著微生物区系及生理群的影响[J]. 土壤,2011,43(1):76-80.
- [4] 张文婷,来航线,王延平,等. 黄土高原不同植被坡地土壤微生物区系特征[J]. 生态学报,2007,28(9):4228-4234.
- [5] 李凤霞,王学琴,郭永忠,等. 宁夏不同类型盐渍化土壤微生物区系及多样性[J]. 水土保持学报,2011,25(5):107-117.
- [6] 巩 杰,黄高宝,陈利顶,等. 旱作麦田秸秆覆盖的生态综合效应研究[J]. 干旱地区农业研究,2003,21(3):69-73.
- [7] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 北京:中国农业出版社,2000:25-104.
- [8] 杨 夏. 不同栽培基质对葡萄生长及果实品质的影响[D]. 杭州:浙江大学,2013.
- [9] 范如芹,张振华,严少华,等. 生物炭和高吸水树脂可改善养殖垫料基质理化性状[J]. 植物营养与肥料学报,2018,24(2):435-442.
- [10] 尹 睿,张华勇,黄锦法,等. 保护地菜田与稻麦轮作田土壤微生物学特征的比较[J]. 植物营养与肥料学报,2004,10(1):57-62.
- [11] 闫庚戌,范丙全. 大棚蔬菜种植年限、种植茬口对土壤微生物的影响[J]. 中国土壤与肥料,2019(4):187-192.
- [12] CHEN M M, ZHU Y G, SU Y H, et al. Effects of soil moisture and plant interactions on the soil microbial community structure[J]. European Journal of Soil Biology,2007,43(1):31-38.
- [13] 王龙昌,玉井理,永田雅辉,等. 水分和盐分对土壤微生物活性的影响[J]. 垦殖与稻作,1998(3):40-42.
- [14] 佟小刚,蒋卫杰,尹明安,等. 无土栽培基质中的微生物及其对作物生长发育的影响[J]. 园艺学报,2005,32(3):544-550.
- [15] 蒋 婧,宋明华. 植物与土壤微生物在调控生态系统养分循环中的作用[J]. 植物生态学报,2010,34(8):979-988.
- [16] 董 艳,董 坤,郑 毅,等. 种植年限和种植模式对设施土壤微生物区系和酶活性的影响[J]. 农业环境科学学报,2009,28(3):527-532.
- [17] 吴凤芝,王学征. 设施黄瓜连作和轮作中土壤微生物群落多样性的变化及其与产量品质的关系[J]. 中国农业科学,2007,40(10):2274-2280.
- [18] MONTAGNE V, CHARPENTIER S, CANNARO P, et al. Structure and activity of spontaneous fungal communities in organic substrates used for soilless crops[J]. Scientia Horticulturae,2015,192:148-157.
- [19] 宋为交,贺超兴,于贤昌,等. 不同种植年限有机土基质的变化及其对温室黄瓜生长的影响[J]. 应用生态学报,2013,24(10):2857-2862.
- [20] 李伶俐,黄耿华,李彦鹏,等. 棉花与不同作物同穴互作育苗对土壤微生物、酶活性和根系分泌物的影响[J]. 植物营养与肥料学报,2012,18(6):1475-1482.
- [21] 王茹华,张启发,周宝利,等. 浅析植物根分泌物与根际微生物的相互作用关系[J]. 土壤通报,2007,38(1):167-172.
- [22] 王 飞,徐 茜,陈志厚,等. 翻压不同绿肥对植烟土壤细菌类群的影响[J]. 江苏农业科学,2019,47(11):317-321.
- [23] 邱 洁,侯怡铃,徐丽丽,等. 不同品种桑树根际土壤细菌多样性的高通量测序分析[J]. 南方农业学报,2019,50(3):585-592.
- [24] 赵 婧,祝遵凌. 江苏盐城原生滨海湿地土壤细菌群落多样性分析[J]. 江苏农业科学,2019,47(2):258-261.
- [25] 张 慧,马连杰,杭晓宁,等. 不同轮作模式下稻田土壤细菌和真菌多样性变化[J]. 江苏农业学报,2018,34(4):804-810.
- [26] FIERER N, JACKSON R B. The diversity and biogeography of soil bacterial communities[J]. Proc Natl Acad Sci USA,2006,103(3):626-631.
- [27] 张晓晓,安美君,吴凤芝. 不同生态条件对西瓜根际土壤微生物群落结构的影响[J]. 北方园艺,2017(3):101-108.
- [28] 王少昆,赵学勇,左小安,等. 科尔沁沙地植物萌动期不同类型沙丘土壤微生物区系特征[J]. 中国沙漠,2008,28(4):696-700.
- [29] 邓利廷,佟天奇,葛菁萍. 不同果园土壤微生物分布与生态因子的冗余分析[J]. 中国农学通报,2017,33(9):41-47.

(责任编辑:徐 艳)