

陕西云阳蔬菜大棚土壤养分及微生物群落功能多样性研究

李玉娣¹, 谷洁^{1*}, 付青霞¹, 钱勋¹, 杨玖¹, 高华¹, 王小娟¹, 朱创江²

(1.西北农林科技大学资源与环境学院, 陕西 杨凌 712100; 2.陕西省泾阳县蔬菜产业服务中心, 陕西 泾阳 713700)

摘要:为了探讨蔬菜大棚种植年限对土壤养分和微生态环境的影响,以陕西省泾阳县云阳镇0(大田土壤)、5、10 a和20 a棚龄土壤为研究对象,对不同年限蔬菜大棚土壤养分和微生物群落功能多样性进行研究。结果表明:随着种植年限增加,土壤电导率、全氮、全磷、速效养分和有机质含量均先升高后降低;10 a棚龄土壤的微生物群落碳源利用能力最强,土壤微生物群落的AWCD值、Shannon、Simpson、McIntosh和丰富度指数均显著高于其他种植年限,20 a棚龄土壤微生物群落碳源利用能力和微生物总体活性降低,仅高于0 a棚龄土壤。主成分分析结果显示,10、20 a和0 a棚龄土壤微生物群落碳源利用能力存在显著差异,起分异作用的主要碳源是糖类和氨基酸类。综上所述,与10 a棚龄土壤相比,20 a棚龄土壤表现为土壤肥力水平下降,微生物群落功能多样性降低。

关键词:蔬菜大棚;土壤养分;土壤微生物群落;Biolog

中图分类号:S154.3 文献标志码:A 文章编号:1672-2043(2014)04-0765-07 doi:10.11654/jaes.2014.04.021

Effects of Planting Years on Soil Nutrients and Microbial Functional Diversity in Vegetable Plastic Tunnel in Yunyang, Shaanxi, China

LI Yu-di¹, GU Jie^{1*}, FU Qing-xia¹, QIAN Xun¹, YANG Jiu¹, GAO Hua¹, WANG Xiao-juan¹, ZHU Chuang-jiang²

(1.College of Resources Environment, Northwest A&F University, Yangling 712100, China; 2.Vegetable Industry Service Center of Jingyang, Jingyang 713700, China)

Abstract: Soil environmental quality greatly influences vegetable quality and safety as well as economic benefit in the vegetable production under plastic tunnel. This study investigated changes of soil physical-chemical properties and microbial community function in different planting years (0 a, 5 a, 10 a, 20 a) of cucumber/tomato under plastic tunnel at Yunyang town in Shaanxi Province of China. Results showed that soil electrical conductivity (EC), total nitrogen, total phosphorus, available nutrient and organic matter contents were the highest in the 10 a planting soils, being increased by 17.7% to 326.6%, compared with the control soil (0 a). However, these indexes were 15.2% to 41.6% lower in 20 a soils than in 10 a soils. The ability of soil microbes to utilize carbon sources was also highest in the 10 a old soils. The average well color development (AWCD), Shannon, Simpson, and McIntosh indexes were significantly higher in 10 a than in soils of the other years. Carbohydrate and amino acids were the main carbon sources for soil microbes. Our results suggest that 10 a planting may be the best growth years for production of vegetable plastic tunnels in this area.

Keywords: vegetable plastic tunnel; soil physical and chemical properties; soil microbial community; Biolog

蔬菜大棚作为一种高效经济的农业生产模式,其栽培面积与日俱增,占全国蔬菜种植面积的18.7%,

已成为我国具有区域特色的产业^[1]。由于蔬菜大棚土壤经常处于高温、高湿、高蒸发、无雨水淋溶和高养分输入的特殊环境,致使土壤原有生态环境恶化,这不仅影响农产品安全,而且不利于大棚土壤的可持续利用。目前,国内外对于蔬菜大棚土壤环境质量的集中研究主要集中在重金属含量、肥力、理化性质、酶活性、微生物区系变化,以及不同施肥和管理方式产生的

收稿日期:2013-08-07

基金项目:国家自然科学基金(4087119,41171203);农业部“948”项目(2010-Z20)

作者简介:李玉娣(1989—),女,辽宁锦州人,硕士研究生,主要从事生态环境研究。E-mail:liyudi2007@yeah.net

*通信作者:谷洁 E-mail:gujioyer@sina.com.cn

影响等方面,例如,李德成等^[2]研究了重金属含量随蔬菜大棚种植年限的变化情况,结果表明,多数土壤重金属含量随大棚使用年限的延长而有所增加;吴凤芝等^[3]研究大棚蔬菜在轮作(15、18 a 和 21 a)和连作(2、7 a)条件下对土壤酶活性的影响,结果表明轮作较连作能够更好地提高土壤酶的活性。董艳等^[4]研究表明,随设施种植年限的增加,土壤细菌、放线菌、微生物总数、B/F 比值均发生较大变化。

土壤微生物参与了土壤结构形成、养分转化循环、有毒物质降解等过程,是维持土壤环境的重要因素。微生物学指标能敏感地反映土壤质量的变化,是土壤质量评价指标体系中不可缺少的组成部分^[5]。蔬菜大棚高度循环利用也影响着土壤微生物生态环境。前人对于土壤微生态环境的研究多集中于种植年限对土壤微生物种类和土壤微生物量的影响^[6-7],但就种植年限对土壤微生物多样性的研究报道较少。

土壤微生物群落的多样性是反映系统受干扰后细小变化的重点监测因子。Biolog 方法是用微生物对碳源的利用程度来反应微生物生理活动轮廓,并判定其代谢功能多样性的一种土壤微生物检测新技术,可以反映微生物代谢总体活性、主要碳源利用类型和相对利用率等情况^[8],已越来越多的应用到微生物对蔬菜大棚施肥和种植模式等的响应的研究中。Weishou Shen 等^[9]应用 Biolog 技术,研究了不同施氮量对蔬菜大棚土壤微生物群落代谢功能多样性的影响;王旭刚等^[10]研究了不同栽培制度对黄瓜连作土壤微生物群落结构的影响,Biolog 结果显示,各个栽培制度与对照相比均提高了土壤微生物功能多样性和均匀性。但从微生物群落代谢多样性角度衡量种植年限对土壤环境质量影响的研究相对较少。本文以陕西省泾阳县云阳镇花马村为例,分析不同种植年限蔬菜大棚土壤养分和微生物群落功能多样性的变化,以期对当地蔬菜大棚土壤环境质量进行综合评价,为促进设施栽培可持续发展提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 采样区域概况

试验样地位于泾阳县,该县地处陕西省关中平原中部,泾河下游,属暖温带大陆性季风气候,四季冷暖、干湿分明。年均气温 13 ℃,降水量 548.7 mm,日照时数年均均为 2 195.2 h,无霜期 213 d,是陕西省最大无公害生产基地及全国日光温室蔬菜标准化示范区。土壤为黄土母质发育而成的壤土,重壤质地(卡庆斯基

分类制)。采样点位于泾阳县云阳镇花马村(34°35' 07.65"N, 108°50' 04.31"E, h 422.40 m)。所选大棚的耕作管理措施一致:主要种植黄瓜和番茄,水渠灌溉,以鸡粪为基肥,追施水溶性复合肥,大棚面积均为 667 m²,一般每年有 2~3 个月的揭棚时间。

1.2 样品采集与制备

2012 年 8 月 27 日,以蔬菜大棚种植年限为试验因子,采集 0(临近大田土壤)、5、10 a 和 20 a 共 4 个年限蔬菜大棚土壤。同一棚龄选取 3 个大棚作为重复,以“S”型布点法采集 0~20 cm 耕层土样,剔除植物残体和其他杂物后混合均匀,进行等分取样,然后将部分鲜样过 2 mm 筛于 4 ℃保存,用于土壤养分和微生物群落代谢功能多样性测定,剩余土样自然风干后保存,进行土壤理化性质测定。

1.3 测定项目和方法

1.3.1 土壤理化指标测定

土壤 pH 采用 pH 计进行测定;土壤电导率采用电导仪测定法;有机质采用重铬酸钾容量法(外加热法)测定;全氮采用开氏法消解-开氏定氮仪测定;全磷采用 NaOH 熔融-钼锑抗比色法测定;全钾采用 NaOH 熔融-火焰光度法测定;硝态氮采用 1 mol·L⁻¹ KCl 浸提-AA3 连续流动分析仪测定;速效磷采用 0.5 mol·L⁻¹ NaHCO₃ 浸提-钼锑抗比色法测定;速效钾采用 1 mol·L⁻¹ NH₄OAc 浸提-火焰光度法测定。具体方法参考鲍士旦的论著^[11]。

1.3.2 土壤微生物群落功能多样性测定

土壤微生物群落功能多样性采用 31 种碳源的 Biolog-ECO 微平板法进行测定。取相当于风干土 5.0 g 的鲜样,加入装有 45 mL 8.5% 无菌生理盐水的三角瓶中,160 r·min⁻¹ 振荡 30 min,制成土壤微生物悬浮液。静置后取上清,在超净工作台上,用无菌生理盐水稀释至浓度为 10⁻³ 后,接种微生物悬浮液于 ECO 微平板(MicroPlate, 美国 Marix Technologies Corporation 生产)中,每孔 150 μL。将接种的 ECO 板装入聚乙烯盒中置于 28 ℃暗箱培养,连续培养 240 h,每 24 h 用 Biolog 自动读数装置读取 590 nm 波长下吸光值。

1.4 数据处理

采用微平板培养 120 h 的数据对微平板孔平均颜色变化率(Average Well Color Development, AWCD)、群落 Shannon 指数(*H*),群落 Simpson 指数(*D*)和群落 McIntosh 指数(*U*)进行分析^[8,12]。数据经 Excel(V 2003)处理后,采用 SPSS(V 16.0)软件进行主成分分析和方差分析,主成分分析以协方差矩阵为

因子提取依据,其他参数均为系统默认值。

2 结果与分析

2.1 不同种植年限蔬菜大棚土壤理化性质分析

由表1可知,不同棚龄土壤pH值均低于大田土壤,随种植年限的增加呈逐渐下降的趋势;与0a棚龄土壤相比,5a和10a棚龄土壤电导率分别增加了8.0%和59.3%,而20a棚龄土壤电导率下降了9.2%;蔬菜大棚土壤有机质含量明显高于对照土壤,5、10a与20a棚龄土壤分别比0a土壤增加了9.9%、45.0%和19.8%;5、10a与20a棚龄土壤全氮含量显著高于0a土壤,10a棚龄土壤最大,较0a土壤增加了99.4%,20a与5a棚龄土壤差异显著($P<0.05$);土壤全氮、全磷、硝态氮、速效磷和速效钾养分含量随着种植年限增加呈先升高后降低的规律,其中20a棚龄土壤各养分含量较10a分别下降19.4%、5.2%、41.6%、17.8%和6.8%;土壤全钾含量在建棚5年内急剧降低,较0a棚龄土壤降低了28.4%;除全钾外,不同年限蔬菜大棚土壤养分含量均表现为10a棚龄土壤最高,表明建棚10a,土壤肥力处于较高水平。土壤养分含量的差异可能与农户耕作模式、施肥量、施肥类型和种植作物对养分的需求量等因素有关。

2.2 不同种植年限蔬菜大棚土壤微生物群落代谢平均颜色变化率(AWCD)

AWCD值反映了土壤微生物利用某一碳源物质的能力,可作为微生物整体活性的有效指标,AWCD值越大,表明对碳源的利用强度越强,微生物的代谢活性越高。

由图1可知,在整个培养过程中,10a棚龄土壤AWCD值均显著高于其他处理,且24h后呈现快速升高趋势,这表明10a棚龄土壤微生物群落代谢活性最大。10a棚龄土壤AWCD增长较快,培养至48h,与其他年限土壤相比达到极显著水平($P<0.01$),建

棚10a,土壤肥力处于较高水平(表1),为微生物生长繁殖提供了充足的盐分,土壤微生物代谢活性最高;培养72h后,0、5a和20a棚龄土壤AWCD值表现为5a>20a>0a的趋势,但各年限土壤之间无显著性差异,这可能是建棚0~5a,微生物群落与种植作物和土壤环境之间的响应存在一个时间尺度问题^[13];20a棚龄土壤AWCD值下降,可能与土壤长期处于特殊环境条件,土壤发生板结、pH降低和有毒物质积累等因素有关,导致微生物群落代谢活性显著降低。

2.3 不同种植年限蔬菜大棚土壤微生物多样性和均匀度指数分析

Shannon指数、Simpson指数和McIntosh指数分别反映土壤微生物物种的丰富度、优势度以及度量群落物种的均匀度。由表2可以看出,不同年限蔬菜大棚土壤微生物多样性指数均呈现先升高后降低的变化趋势,10a棚龄土壤微生物多样性指数显著高于其他年限土壤($P<0.05$),表明该年限土壤中微生物群落总体代谢活性和物种丰富度较高,分布均匀,且在土壤中存在显著优势。Shannon多样性指数表现为20a棚龄土壤最低,显著低于5a和10a棚

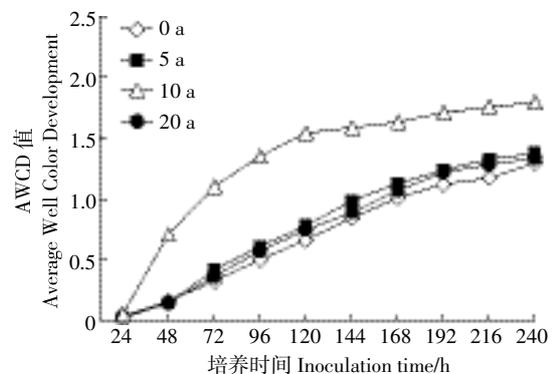


图1 不同种植年限蔬菜大棚土壤AWCD值随时间的变化
Figure 1 AWCD of soils under vegetable plastic tunnel with different planting years

表1 不同种植年限蔬菜大棚土壤理化指标

Table 1 Soil physical and chemical properties under vegetable plastic tunnel with different planting years

年限/a Ages	pH值	电导率 EC/ $\mu\text{S}\cdot\text{cm}^{-1}$	全氮 Total N/ $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$	全磷 Total P/ $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$	全钾 Total K/ $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$	硝态氮 $\text{NO}_3\text{-N}$ / $\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$	速效磷 Available P/ $\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$	速效钾 Available K/ $\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$	有机质 Organic mater/ $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$
0	8.24±0.01aA	367±0.58cC	0.335±0.04cC	0.54±0.02dD	11.6±0.14aA	9.3±0.08dD	27±1.81dD	150±1.64dD	13.1±0.09dD
5	7.82±0.01bB	392±1.15bB	0.511±0.01bB	0.67±0.11cC	8.3±0.42cC	30.0±0.32bB	145±2.71cC	215±0.19cC	14.4±0.26cC
10	7.75±0.05cC	579±0.58aA	0.668±0.01aA	1.28±0.23aA	9.9±0.25bB	39.6±0.26aA	199±2.48aA	266±0.48aA	19.0±0.07aA
20	7.70±0.03dD	330±1.00dD	0.538±0.01bB	1.21±0.02bB	10.4±0.24bB	23.1±0.26cC	163±1.66bB	245±0.25bB	15.7±0.19bB

注:表中数据为3次重复的平均值±标准差。同列不同小写和大写字母分别表示 $P<0.05$ 和 $P<0.01$ 水平差异显著。下同。

Note: Different small and capital letters within a column indicate significant difference at $P<0.05$ and $P<0.01$ levels, respectively. The same below.

龄土壤($P<0.05$),且与0 a 棚龄土壤无显著差异,这可能是由于种植年限过长,20 a 棚龄土壤环境退化,土壤微生物多样性显著降低;10 a 和20 a 棚龄土壤微生物群落的丰富度指数显著高于0 a 棚龄土壤,但5 a 棚龄土壤微生物群落的丰富度指数与0 a 棚龄土壤无显著性差异。Simpson 指数表现为10 a>20 a>5 a>0 a,说明不同年限蔬菜大棚种植均可使土壤微生物优势度提高,且10 a 棚龄土壤微生物优势度最大。McIntosh 指数结果表明,建棚0~10 a,土壤微生物群落均匀度随种植年限增加呈递增趋势,20 a 棚龄土壤微生物均匀度显著低于其他棚龄土壤($P<0.01$),较0、5 a 和10 a 棚龄土壤分别下降了4.8%、13.7%和50.7%。

2.4 不同种植年限蔬菜大棚土壤微生物对6大类碳源的利用

土壤微生物多样性反映了群落总体的变化,但未能反映微生物群落代谢的详细信息^[14]。研究不同年限蔬菜大棚土壤微生物对6大类碳源利用能力的差异,有助于更全面了解微生物群落代谢功能特征。

由图2可以看出,不同年限蔬菜大棚土壤微生物对6大类碳源的利用程度不同。各年限土壤微生物均对多酚化合物类碳源利用程度最低,10 a 棚龄土壤对

6 大类碳源的利用能力显著高于其他年限($P<0.01$),利用程度表现为糖类>多胺类>多聚物类>AA 酸类>多酚化合物类>羧酸类。0 a 棚龄土壤微生物主要利用糖类、AA 酸类和羧酸类碳源,5 a 棚龄土壤微生物对多聚物类碳源利用程度最高,20 a 棚龄土壤微生物对羧酸类和多胺类碳源利用程度高于其他4类碳源。0、5 a 和20 a 棚龄土壤微生物对糖类、AA 酸类碳源利用程度不存在显著差异;随种植年限增加,土壤微生物对羧酸类碳源表现为降低-升高-降低的变化规律,其中5 a 棚龄土壤显著低于其他年限,这可能与土壤根系分泌物有关^[15];土壤微生物对多聚物类、多酚化合物类和多胺类碳源利用程度随着种植年限增加均呈现升高-降低的规律,且各年限间差异达到显著水平($P<0.05$),多酚化合物类和多胺类碳源利用程度表现为10 a>20 a>5 a>0 a,5 a 棚龄土壤对多聚物类碳源的利用程度高于20 a 棚龄土壤。综上所述,不同年限蔬菜大棚土壤微生物群落代谢利用的碳源类型和利用程度存在差异,且利用的主要碳源类型发生了转化。

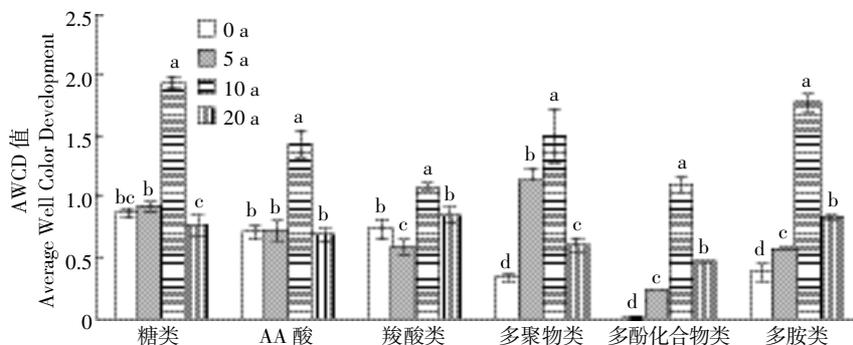
2.5 不同种植年限蔬菜大棚土壤微生物碳源利用特性的主成分分析

主成分分析中的载荷因子可反映不同土壤微生物

表2 不同年限蔬菜大棚土壤微生物群落功能多样性指数

Table 2 Functional diversity indices of microbial communities in soils under vegetable plastic tunnel with different planting years

种植年限/a Planting years	Shannon 多样性指数 Shannon diversity index	丰富度指数 Richness index	Simpson 指数 Simpson index	McIntosh 指数 McIntosh index
0	2.93±0.108cB	24±1.00cB	0.939±0.939dC	5.05±0.119cC
5	3.08±0.05bB	24±1.009cB	0.947±0.947cB	5.57±0.079bB
10	3.24±0.013aA	28±0.86aA	0.965±0.958aA	9.75±0.024aA
20	2.96±0.065cB	26±0.58bA	0.958±0.965bA	4.81±0.019dD



柱上不同字母表示处理间差异显著($P<0.05$)

Different letters above the bars among treatments indicate significant difference at $P<0.05$ level

图2 不同年限蔬菜大棚土壤微生物对6大类碳源的利用

Figure 2 Utilization of six groups of carbon sources by soil microbes under vegetable plastic tunnel with different planting years

物碳源代谢的差异,有助于更全面地了解微生物群落代谢的功能特性,初始载荷因子反映主成分与碳源利用的相关系数,载荷因子越高,表示该碳源对主成分的影响越大。利用培养 120 h 测定的 AWCD 数据,经过标准化处理后,进行了主成分分析^[6]。本文提取了两个主成分,分别可以解释所有变量方差的 52.2%和 19.0%。PC1 和 PC2 的特征根分别为 13.18 和 5.89。由图 3 可见,各个年限在主成分体系中分布形成差异。0 a 和 5 a 棚龄土壤在 PC1 和 PC2 上得分均较低,位于负端,在 PC1 上得分系数差异达到显著水平($P < 0.05$),10 a 棚龄土壤处于 PC1 正端,与其他年限显著区分开来,在 PC2 正负端均有分布;20 a 棚龄土壤位于 PC1 负端,PC2 的正端,且在 PC2 上载荷显著高于其他处理。

对 PC1 贡献较大的碳源($|r| > 0.8$)有 15 种,其中糖类占 46.7%,氨基酸和多聚物类分别占 20.0%和 13.3%,羧酸类、多酚化合物类和多胺类各占 6.7%,表明在 PC1 上影响分异的碳源主要是糖类、氨基酸类和多聚物类;对 PC2 贡献较大的碳源有 3 种,依次为 D-葡萄糖氨酸、L-苏氨酸和 2-羟基苯甲。由此可见,糖类、氨基酸类、多聚物类、羧酸类和多酚化合物类碳源是改变蔬菜大棚土壤微生物群落变化的敏感碳源。

3 讨论

土壤是影响蔬菜生长、产量和品质的最基本要素,良好的土壤环境质量才能保证蔬菜设施栽培的可持续发展。5、10 a 和 20 a 棚龄土壤 pH 均较大,0 a (大田)土壤有所降低;土壤全钾含量则呈现降低-升高-降低的变化规律,这可能是由于当地农民多种植西红

柿和黄瓜等喜钾作物,建棚初期对速效钾的吸收量大于施入量,诱使土壤中全钾转化为速效钾;土壤电导率、全氮、全磷和速效氮磷钾含量均先升高后降低,这可能是由于土壤板结和次生盐渍化等问题,导致土壤中养分有效性降低、挥发损失量增多或向下缓慢迁移,这与吴玉光等对不同年限蔬菜大棚土壤养分变化的研究结果相一致^[20]。

对不同种植年限蔬菜大棚土壤 AWCD 值分析比较结果表明,土壤微生物群落整体代谢活性随着种植年限增加呈先增加后降低的趋势,表现为 10 a 棚龄土壤微生物整体代谢活性最高。土壤微生物多样性和均匀度指数分析也表明,Shannon、Simpson、McIntosh 和丰富度指数各项指标均表现为 10 a 棚龄最高,至建棚 20 a,土壤微生物丰富度、优势度和均匀度均呈下降趋势。这可能是由于连作抑制了土壤微生物某些种群的生长,从而导致微生物群落结构单一化^[21]。良好的土壤应该具有良好的生物活性和稳定的微生物种类组成,土壤养分过剩和养分比例不平衡均会造成土壤微生物活性的下降与群落结构的改变^[5]。土壤微生物对 6 大类碳源利用分析结果显示,10 a 棚龄土壤对六大类碳源利用能力最好,20 a 棚龄土壤较 10 a 棚龄土壤碳源利用能力下降显著。通过对碳源利用特性进行主成分分析进一步证明,随着种植年限的增加,土壤微生物对碳源的利用能力发生了改变。李伟群和罗希茜等^[25-26]对不同年限土壤微生物群落变化的研究也得出类似结论。综上所述,种植年限超过 10 a,土壤微生物群落代谢功能多样性降低。由于中国蔬菜生产地域分工的客观存在,本试验采样地点泾阳县云阳镇花马村即是以种植黄瓜和番茄为特色的蔬菜大棚基地,菜农追求经济效益和蔬菜栽培技术单一,连作是不可避免的现象。本实验研究表明,20 a 土壤微生物群落功能多样性较低。有学者研究结果显示,随着连作年限的延长,土壤生物化学活性明显降低,造成微生物群落功能多样性降低的原因可能是连年种植产生的根系分泌物等物质对土壤生物化学产生抑制作用^[21],而根系分泌物是微生物利用的碳源之一,微生物群落功能受根系分泌物影响较大^[23],导致微生物群落的多样性降低,使得适应于贫瘠条件与低代谢能力的种群增多,同时也易发生根结线虫病等土传病害,进一步导致土壤微生态环境恶化^[27]。

土壤微生物群落结构也称为微生物多样性,能较早地预测土壤养分及环境质量的变化过程,是表征土壤生态系统群落结构和稳定性的重要参数之一^[5]。长

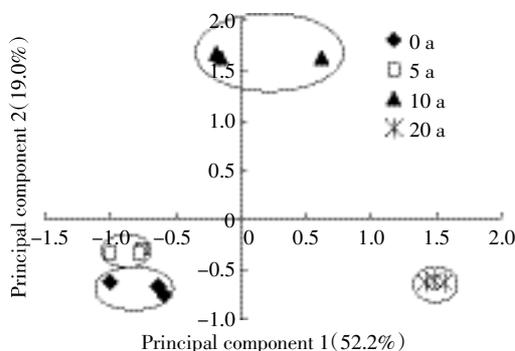


图 3 不同种植年限蔬菜大棚土壤微生物碳源利用主成分分析因子载荷图

Figure 3 Loadings for principal component analysis (PCA) of carbon sources utilization profiles by soil microbes under vegetable plastic tunnel with different planting years

期不合理的施肥、农耕方式以及不同作物的种植,使得微生物群落功能多样性降低,土壤中微生物群落结构改变,导致土壤微生态环境恶化,从而制约了蔬菜对土壤养分的良性吸收和利用,造成农产品安全问题,影响经济效益。设施栽培土壤是一个受诸多因素影响的极为复杂的综合体,其环境质量评价需要将土壤微生物群落代谢功能多样性变化同微生物量、施肥方式、盐分变化和重金属含量变化等影响因素相结合,同时应用 DGGE 和 T-RFLP 等分子技术,更加全面、准确地反映土壤环境质量的变化,为提出合理使用年限、推进蔬菜大棚可持续利用提供有效依据。

4 结论

(1)土壤电导率和养分含量未随种植年限延长而持续积累,均呈现升高-降低的变化规律,10 a 棚龄土壤肥力处于最佳水平,20 a 棚龄土壤肥力水平下降。

(2)随种植年限增加,土壤微生物群落的 AWCD 值、多样性和均匀度指数均表现为先升高后降低的变化规律。

(3)不同种植年限蔬菜大棚土壤微生物对 6 大类碳源的利用存在显著差异,糖类、氨基酸类和多聚物类碳源对微生物群落的分异起主要作用。

参考文献:

- [1] 王敬国. 设施菜田退化土壤修复与资源高效利用[M]. 北京: 中国农业大学出版社, 2011.
WANG Jing-guo. Management of degraded vegetable soils in greenhouses[M]. Beijing: China Agricultural University Press, 2011.
- [2] 李德成, 李忠佩, 周 祥, 等. 不同使用年限蔬菜大棚土壤重金属含量变化[J]. 农村生态环境, 2003, 19(3): 38-41.
LI De-cheng, LI Zhong-pei, ZHOU Xiang, et al. Contents of heavy metal elements in soils of vegetable greenhouses different in age[J]. *Rural Eco-Environment*, 2003, 19(3): 38-41.
- [3] 吴凤芝, 孟立君, 王学征. 设施蔬菜轮作和连作土壤酶活性的研究[J]. 植物营养与肥料学报, 2006, 12(4): 554-558.
WU Feng-zhi, MENG Li-jun, WANG Xue-zheng. Soil enzyme activities in vegetable rotation and continuous cropping system of under shed protection[J]. *Plant Nutrition and Fertilizer Science*, 2006, 12(4): 554-558.
- [4] 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.
DONG Yan, DONG Kun, ZHENG Yi, et al. Soil microbial community and enzyme activities in greenhouse with different cultivation years and planting system[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2009, 28(3): 527-532.
- [5] 孙 波, 赵其国, 张桃林, 等. 土壤质量与持续环境Ⅲ. 土壤质量评价的生物学指标[J]. 土壤, 1997(5): 225-234.
SUN Bo, ZHAO Qi-guo, ZHANG Tao-lin, et al. Soil quality and sustainable environment III. Soil biological indicators of soil quality[J]. *Soil*, 1997(5): 225-234.
- [6] 董 艳, 董 坤, 鲁 耀, 等. 设施栽培对土壤化学性质及微生物区系的影响[J]. 云南农业大学学报, 2009, 24(3): 418-424.
DONG Yan, DONG Kun, LU Yao, et al. Influence of greenhouse cultivation on soil chemical properties and microbial community[J]. *Journal of Yunnan Agricultural University*, 2009, 24(3): 418-424.
- [7] 王 珊, 李廷轩, 张锡洲, 等. 设施土壤中微生物数量及其生物量碳的变化研究[J]. 中国农学通报, 2005, 21(4): 198-201.
WANG Shan, LI Ting-xuan, ZHANG Xi-zhou, et al. Study on the changes of the amount of microorganism and microbial biomass carbon in soil of greenhouse cropping[J]. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2005, 21(4): 198-201.
- [8] ZaK J C, Willig M R, Moorhead D L, et al. Functional diversity of microbial communities: A quantitative approach[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 1994, 26(9): 1101-1108.
- [9] Shen W H, Lin X G, Shi W M, et al. Higher rates of nitrogen fertilization decrease soil enzyme activities, microbial functional diversity and nitrification capacity in a Chinese polytunnel greenhouse vegetable land[J]. *Plant Soil*, 2010(337): 137-150.
- [10] 王旭晖, 张雪艳, 高丽红. 不同栽培制度对黄瓜连作土壤微生物群落结构的影响[J]. 中国蔬菜, 2012(8): 26-31.
WANG Xu-hui, ZHANG Xue-yan, GAO Li-hong. Effects of different cultural systems on cucumber soil microbial community functional diversity and bacteria communities[J]. *China Vegetables*, 2012(8): 26-31.
- [11] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 北京: 中国农业出版社, 2000.
BAO Shi-dan. Soil agriculture chemistry analysis[M]. Beijing: China Agriculture Press, 2000.
- [12] Stefanowicz A. The biolug plates technique as a tool in ecological studies of microbial communities[J]. *Polish J of Environ Stud*, 2006, 15(5): 669-676.
- [13] 申卫收, 林先贵, 张华勇, 等. 不同施肥处理下蔬菜塑料大棚土壤微生物活性及功能多样性[J]. 生态学报, 2008, 28(6): 2682-2689.
SHEN Wei-shou, LIN Xian-gui, ZHANG Hua-yong, et al. Microbial activity and functional diversity in soils used for the commercial production of cucumbers and tomatoes in polytunnel greenhouse under different fertilization[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2008, 28(6): 2682-2689.
- [14] Kennedy A C, Gewin V L. Soil microbial diversity: Present and future considerations[J]. *Plant Soil*, 1997, 162(9): 607-617.
- [15] 吴彩霞, 傅 华. 根系分泌物的作用及影响因素[J]. 草业科学, 2009, 26(9): 24-29.
WU Cai-xia, FU Hua. Effects and roles of root exudates [J]. *Prata-cultural Science*, 2009, 26(9): 24-29.
- [16] Weber K P, Grove J A, Gehder M, et al. Data transformations in the analysis of community-level substrate utilization data from microplates [J]. *Journal of Microbiological Methods*, 2007, 69(3): 461-469.
- [17] 徐建明, 张甘霖, 谢正苗, 等. 土壤质量指标与评价[M]. 北京: 科学出版社, 2010.

- XU Jian-ming, ZHANG Gan-lin, XIE Zheng-miao, et al. Indices and assessment of soil quality[M]. Beijing: Science Press, 2010.
- [18] 李祥云, 宋朝玉, 王瑞英, 等. 不同畜禽粪肥及不同用量对大葱生长的影响[J]. 中国土壤与肥料, 2006(6):45-47.
- LI Xiang-yun, SONG Chao-yu, WANG Rui-ying, et al. Effect of different kinds of animal manures and quantity on growth of scallion[J]. *Soil and Fertilization Sciences in China*, 2006(6):45-47.
- [19] 钟爽, 何应对, 韩丽娜, 等. 连作年限对蕉园土壤氮磷钾养分的影响[J]. 广东农业科学, 2011(23):64-67.
- ZHONG Shuang, HE Ying-dui, HAN Li-na, et al. Effect of continuous banana-cropping on soil N, P and K nutrients[J]. *Guangdong Agricultural Sciences*, 2011(23):64-67.
- [20] 吴玉光, 李吉进, 王美菊. 不同年限蔬菜大棚土壤养分和酶活性的变化[J]. 中国农业大学学报, 1997(增刊2):83-86.
- WU Yu-guang, LI Ji-jin, WANG Mei-ju. The changes of soil nutrients and enzyme activities in the protected land with different culturing years[J]. *Journal of China Agricultural University*, 1997(Suppl2):83-86.
- [21] 吴凤芝, 赵凤艳, 谷思玉. 保护地黄瓜连作对土壤生物化学性质的影响[J]. 农业系统科学与综合研究, 2002, 18(1):20-22.
- WU Feng-zhi, ZHAO Feng-yan, GU Si-yu. Effect of the continuous cultivating cucumber on the bio-chemical properties of soil in the plastic greenhouse[J]. *System Sciences and Comprehensive Studies in Agriculture*, 2002, 18(1):20-22.
- [22] Biswas D, Mandal A, Akbari H, et al. Investigation of functional microbial diversity and related abiotic factors in coastal and desert ecosystem of gujarat[M]//Sabu A, Augustine A. Prospects in Bioscience: Addressing the Issues. Springer India Private Ltd, 2013:351-362.
- [23] 陆雅海, 张福锁. 根际微生物研究进展[J]. 土壤, 2006, 38(2):113-121.
- LU Ya-hai, ZHANG Fu-suo. The advances in rhizosphere microbiology[J]. *Soils*, 2006, 38(2):113-121.
- [24] 林生, 庄家强, 陈婷, 等. 福建安溪不同年限茶树土壤养分与微生物 Biolog 功能多样性的差异分析[J]. 中国生态农业学报, 2012, 20(11):1471-1477.
- LIN Sheng, ZHANG Jia-qiang, CHEN Ting, et al. Analysis of nutrient and microbial Biolog function diversity in tea soils with different planting years in Fujian Anxi[J]. *Chinese Journal of Eco-Agriculture*, 2012, 20(11):1471-1477.
- [25] 李伟群. 不同年限连作大豆根际微生物群落及生物量的动态变化研究[D]. 北京: 中国农业科学院, 2011.
- LI Wei-qun. Effect of soybean continuous cropping years on rhizosphere microbial community and the dynamics of soil microbial biomass[D]. Beijing: Chinese Academy of Agricultural Sciences, 2011.
- [26] 罗希茜, 郝晓晖, 陈涛, 等. 长期不同施肥对稻田土壤微生物群落功能多样性的影响[J]. 生态学报, 2009, 29(2):740-748.
- LUO Xi-qian, HAO Xiao-hui, CHEN Tao, et al. Effects of long-term different fertilization on microbial community functional diversity in paddy soil[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2009, 29(2):740-748.
- [27] 林生, 庄家强, 陈婷, 等. 不同年限茶树根际土壤微生物群落 PLFA 生物标记多样性分析[J]. 生态学杂志, 2013, 32(1):64-71.
- LIN Sheng, ZHUANG Jia-qiang, CHEN Ting, et al. Microbial diversity in rhizosphere soils of different planting year tea trees: An analysis with phospholipid fatty acid biomarkers[J]. *Chinese Journal of Ecology*, 2013, 32(1):64-71.