



农业资源与环境学报

CSCD 核心期刊
中文核心期刊
中国科技核心期刊

JOURNAL OF AGRICULTURAL RESOURCES AND ENVIRONMENT

欢迎投稿 <http://www.aed.org.cn>

外源菌剂对茄子秸秆原位堆肥微生物群落结构影响及其相关性分析

李雪菲, 靳拓, 邵明娜, 尹君华, 丁超武, 刘勤

引用本文:

李雪菲, 靳拓, 邵明娜, 尹君华, 丁超武, 刘勤. 外源菌剂对茄子秸秆原位堆肥微生物群落结构影响及其相关性分析[J]. 农业资源与环境学报, 2023, 40(4): 883–892.

在线阅读 View online: <https://doi.org/10.13254/j.jare.2022.0420>

您可能感兴趣的其他文章

Articles you may be interested in

玉米秸秆还田量对砂姜黑土酶活性、微生物生物量及细菌群落的影响

刘高远, 和爱玲, 杜君, 杨占平, 潘秀燕, 许纪东, 郑念, 张玉亭

农业资源与环境学报. 2022, 39(5): 1033–1040 <https://doi.org/10.13254/j.jare.2021.0527>

3种耐盐植物对滨海盐土化学性质及微生物群落结构的影响

刘雅辉, 孙建平, 马佳, 姚玉涛, 吕晶晶, 张宏伟

农业资源与环境学报. 2021, 38(1): 28–35 <https://doi.org/10.13254/j.jare.2020.0049>

生物炭对烤烟成熟期根际真菌群落结构的影响及功能预测分析

李茂森, 王丽渊, 杨波, 刘福童, 张勇江, 任天宝, 张福建

农业资源与环境学报. 2022, 39(5): 1041–1048 <https://doi.org/10.13254/j.jare.2021.0318>

硒对油菜根际土壤微生物的影响

程勤, 胡承孝, 明佳佳, 蔡苗苗, 刘康, 汤艳妮, 赵小虎

农业资源与环境学报. 2021, 38(1): 104–110 <https://doi.org/10.13254/j.jare.2020.0061>

土壤渗滤系统处理农村黑灰水对庭院菜地土壤环境的影响

王淞民, 刘丽媛, 魏孝承, 彭皓, 张春雪, 柳博, 郑向群

农业资源与环境学报. 2022, 39(2): 305–318 <https://doi.org/10.13254/j.jare.2021.0404>



关注微信公众号, 获得更多资讯信息

李雪菲, 靳拓, 邵明娜, 等. 外源菌剂对茄子秸秆原位堆肥微生物群落结构影响及其相关性分析[J]. 农业资源与环境学报, 2023, 40(4): 893–892.
LI X F, JIN T, SHAO M N, et al. Exogenous microbial agents improve the microbial community structure during eggplant straw *in situ* composting[J]. *Journal of Agricultural Resources and Environment*, 2023, 40(4): 883–892.

外源菌剂对茄子秸秆原位堆肥微生物群落结构影响及其相关性分析

李雪菲^{1,2}, 靳拓³, 邵明娜^{4*}, 尹君华⁵, 丁超武⁶, 刘勤^{1,2*}

(1. 中国农业科学院农业环境与可持续发展研究所, 北京 100081; 2. 农业农村部农膜污染防治重点实验室, 北京 100081; 3. 农业农村部农业生态与资源保护总站, 北京 100125; 4. 黑龙江省虎林市农业技术推广中心, 黑龙江 虎林 158418; 5. 山东清田塑工有限公司, 山东 临淄 255410; 6. 山东成聚农业科技有限公司, 山东 潍坊 262700)

摘要:为明确添加外源微生物菌剂对设施蔬菜秸秆参与原位堆肥的影响,以茄子秸秆为堆肥原料,通过设置添加A微生物菌剂 $300\text{ kg}\cdot\text{hm}^{-2}$ (a1),不添加微生物菌剂(ct),添加B微生物菌剂 300 (b1)、 600 (b2)、 $900\text{ kg}\cdot\text{hm}^{-2}$ (b3)5组处理,进行30 d蔬菜大棚原位堆肥试验,测定堆肥理化指标,并通过16S rDNA高通量测序技术分析堆肥过程细菌群落结构。结果表明:添加微生物菌剂能够提高堆肥温度峰值,提高堆肥期间pH下降和电导率上升的速率,显著提高全磷含量($P<0.05$),加快堆肥腐熟。堆肥后全氮含量比堆肥前提高,a1、ct、b1、b2处理的全氮含量分别上升了10.8%、11.6%、33.0%、18.5%,b3处理堆肥前后全氮含量无变化。堆肥结束时,处理a1、ct、b1、b2和b3的全磷含量分别为2.0%、2.0%、2.1%、2.2%和2.1%,b2处理显著高于其他处理($P<0.05$)。添加微生物菌剂没有改变堆肥土壤优势菌群的门类,但显著改变了优势菌群的相对丰度,以及优势菌属的种类和相对丰度($P<0.05$)。冗余分析结果表明全氮含量与厚壁菌门(Firmicutes)相对丰度相关性较强,全磷含量、电导率与放线菌门(Actinobacteria)相对丰度相关性较强。相关性分析结果表明电导率、含水量和全磷含量是对耕层堆肥微生物优势菌群影响最显著的两个因素。研究表明,添加微生物菌剂有利于提高微生物群落多样性,对堆肥腐熟度和土壤养分的提升具有显著的促进作用。

关键词:微生物菌剂;秸秆;原位堆肥;微生物群落;相关性分析

中图分类号:S141.4 文献标志码:A 文章编号:2095-6819(2023)04-0883-10 doi: 10.13254/j.jare.2022.0420

Exogenous microbial agents improve the microbial community structure during eggplant straw *in situ* composting

LI Xuefei^{1,2}, JIN Tuo³, SHAO Mingna^{4*}, YIN Junhua⁵, DING Chaowu⁶, LIU Qin^{1,2*}

(1. Institute of Environment and Sustainable Development in Agriculture, CAAS, Beijing 100081, China; 2. Key Laboratory of Agricultural Film Pollution Prevention and Control of the Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Beijing 100081, China; 3. Agricultural Ecology and Resource Protection Station of the Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Beijing 100125, China; 4. Heilongjiang Agricultural Technology Promotion Center of Hulin City, Hulin 158418, China; 5. Shandong Qingtian Plastic Industry Co., Ltd., Linzi 255410, China; 6. Shandong Chengju Agricultural Technology Co., Ltd., Weifang 262700, China)

Abstract: In this study, eggplant straw was used as the raw composting material. Treatments with $300\text{ kg}\cdot\text{hm}^{-2}$ of microbial inoculant A (a1); no microbial inoculant (ct); and 300 (b1), $600\text{ kg}\cdot\text{hm}^{-2}$ (b2), and $900\text{ kg}\cdot\text{hm}^{-2}$ (b3) of microbial inoculant B were used to conduct 30-day *in situ* composting experiments in vegetable greenhouses. The physical and chemical indicators of compost were determined, and

收稿日期:2022-06-29 录用日期:2022-09-30

作者简介:李雪菲(1997—),女,内蒙古赤峰人,硕士研究生,从事生物降解地膜应用与农业废弃物资源化研究。E-mail:xuefei1997@163.com

*通信作者:邵明娜 E-mail:tgz5990023@126.com; 刘勤 E-mail:liuqin02@caas.cn

基金项目:国家重点研发计划项目(2021YFD1700700)

Project supported: National Key Research and Development Program of China(2021YFD1700700)

<http://www.aed.org.cn>

the bacterial community structure during the composting process was analyzed using 16S rDNA high-throughput sequencing technology. The results demonstrated that the addition of microbial inoculants could increase the peak temperature of the compost, increase the rate of pH drop and conductivity rise during composting, significantly increase the total phosphorus content ($P<0.05$), and accelerate compost maturity. The total nitrogen content of groups a1, ct, b1, and b2 increased by 10.8%, 11.6%, 33.0%, and 18.5%, respectively, and those of b3 group did not change after composting. The total phosphorus content of treatments a1, ct, b1, b2, and b3 were 2.0%, 2.0%, 2.1%, 2.2%, and 2.1% after composting, respectively, and treatment b2 was significantly higher than that of the other treatments ($P<0.05$). Microbial inoculants did not transform the categories of dominant flora but significantly transformed the proportion of high-quality flora and the genus and abundance of dominant bacteria in the compost soil ($P<0.05$). Redundancy analysis (RDA) revealed that total nitrogen was strongly correlated with Firmicutes, and total phosphorus and electrical conductivity were strongly correlated with Actinobacteria. Spearman analysis demonstrated that electrical conductivity, water content and total phosphorus content were the three most significant factors associated with the predominant microbial flora in topsoil compost. Our results indicate that the addition of microbial inoculants is beneficial to improve the proportion of high-quality flora, enhance the diversity of microbial communities.

Keywords: microbial agents; straw; *in situ* composting; microbial community; correlation analysis

随着我国农业生产结构调整,蔬菜大棚得到推广应用,提高了农民生产效益。设施农业迅速发展的同时也产生了大量农作物废弃秸秆^[1]。我国秸秆年总产量约占世界总产量的30%,总产量超过9亿t,其中蔬菜秸秆约占25.6%^[2]。秸秆存在使用不科学问题,2017年农业农村部“十二五”秸秆生物质利用的终期评估结果显示仍有约24%秸秆废弃,未得到利用,造成环境污染^[3-5]。蔬菜秸秆中含有作物生长需要的N、P、K等营养元素,是一种可循环利用的生物资源,具有广阔应用前景^[6]。近年我国逐渐重视农业生产环境治理和废弃物资源化利用,2021年国家发展改革委编制了《秸秆综合利用技术目录(2021)》。2017年全国可收集利用秸秆量达到6.74亿t,全国农作物秸秆综合利用率已超过85%,形成了以肥料化利用为核心,饲料化、燃料化为辅,基料化、原料化等技术迅速兴起的综合利用格局^[7-9]。蔬菜秸秆成分与苜蓿、稻草等相似,可作为粗饲料原料,但以蔬菜秸秆为原料的饲料营养配方单一,仅能饲喂反刍动物,应用范围受限^[10]。秸秆可通过厌氧发酵得到沼气,沼气可作为一种新清洁能源代替化石能源^[11]。秸秆经过工业加工后可用于造纸,也可与金属、树脂等混合,经压缩成型处理后用于建筑板材^[12],但工序复杂、成本较高,且具有二次环境污染风险。肥料化是秸秆资源化最普及的技术,但由于秸秆种类多,回收利用工艺尚不规范,肥料性能不稳定,有待研究和制定统一的科学操作标准^[13]。

化肥在大棚蔬菜中施用过大会造成连作障碍和土传病害^[14]。蔬菜秸秆可与畜禽粪便共堆肥,利用土壤微生物降解秸秆的有机质,得到优质有机肥料^[15-16]。然而土著微生物的代谢活性低,限制了物料

的降解速率,堆肥产品营养成分含量低^[17]。研究表明,在秸秆堆肥中添加适量外源微生物菌剂能够加速废弃物的降解^[18-19]。目前,国内工厂化高温堆肥技术十分成熟,然而工厂化堆肥工艺成本高,堆肥条件严格,技术需求高,不符合农户小规模设施农业连作生产的高效需求,因此亟需探求秸秆原位高效堆肥模式。堆肥效率与品质依赖土壤微生物群落之间的相互作用^[20]。研究表明,堆肥过程微生物群落的演替直接受各种环境因子(全氮、全磷、全钾、温度、碳氮比、pH等)的影响,并且在堆肥的不同阶段发挥特定作用的菌种不同^[21],如堆肥升温期 and 高温期厚壁菌门(Firmicutes)和变形菌门(Proteobacteria)是优势菌门,放线菌门(Actinobacteria)在腐熟期是优势菌门^[22]。子囊菌门(Ascomycota)是堆肥主导真菌,具有促进木质纤维素降解的功能^[23]。

目前大多数秸秆堆肥的研究均针对大田作物,如小麦、玉米、水稻等,涉及温室大棚环境和茄果类蔬菜秸秆资源化利用的研究不足,尤其对不同微生物菌剂处理秸秆堆肥微生物菌群的系统相关性研究更少。本研究通过分析两种微生物菌剂对设施茄子秸秆原位堆肥土壤养分和微生物群落的影响,进一步研究微生物群落结构与环境因子的关系,细化优势菌属,筛选出微生物菌剂最适添加方案,为设施农业生产中废弃秸秆的无害化利用提供科技支撑。

1 材料与方法

1.1 试验地概况

堆肥试验在山东省寿光市马家旗村(36° 54' N, 118° 42' E)的温室大棚中进行。该区域属暖温带大陆性季风气候,年平均气温12.7℃,海拔9m,年平均

降水量为708 mm,降雨集中在6—8月。主要土壤类型为潮土,试验大棚长200 m,宽12 m,连作茄子5 a以上。

1.2 试验材料

设施大棚前茬茄子收获后,利用秸秆粉碎还田机将茄子秸秆粉碎至长度3~5 cm,施用5 000 kg·hm⁻²鸡粪,控制含水量在60%左右。耕层堆肥所用干鸡粪购于当地一家农场。堆肥原料的基本理化性质见表1。A菌剂和B菌剂由山东成聚农业科技有限公司提供。A菌剂为液态,有效活菌数为每克20亿个,主要成分为芽孢杆菌、放线菌、木霉菌等。B菌剂呈粉末状,有效活菌数为每克10亿个,主要成分为枯草芽孢杆菌和地衣芽孢杆菌。

表1 堆肥原料的基本理化性质				
Table 1 The physicochemical properties of the composting materials				
材料 Material	含水量 Water content/%	总有机碳 TOC/(g·kg ⁻¹)	全氮 TN/(g·kg ⁻¹)	碳氮比 C/N
干鸡粪 Dried chicken manure	—	32.55±1.05	5.23±0.25	6.22±0.46
茄子秸秆 Eggplant straw	73.22±1.75	36.91±1.23	2.24±0.07	16.48±0.73

1.3 试验设计

试验在设施大棚内进行,采用随机区组设计。试验设置5组处理,包括添加A微生物菌剂300 kg·hm⁻²(a1)、不添加微生物菌剂(ct)、添加B微生物菌剂300 kg·hm⁻²(b1)、添加B微生物菌剂600 kg·hm⁻²(b2)、添加B微生物菌剂900 kg·hm⁻²(b3),每个处理重复3次。采样时间为堆肥开始的第1、4、7、10、15、30天,每次取样均在上午6:00。采样深度为耕层0~25 cm,采集鲜土200 g,将取得的土样一部分风干、研磨、过筛,用于测定土壤指标,另一部分-20℃保存,用于微生物群落分析。

1.4 研究方法

1.4.1 理化性质分析

使用地温探针测定土壤温度,将探针埋入耕层土壤5、15 cm和25 cm深度处,每隔24 h测定一次,选择上午10:00土壤温度数据绘制温度曲线。

土壤理化性质根据鲍士旦^[24]的标准方法进行分析。样品的pH值和电导率(EC)值(*m*_{堆肥材料}:*V*_水=1:25)用pH计测定;含水量采用烘干法测定;全氮(TN)含量用半微量凯氏法测定;全磷(TP)含量采用0.5 mol·L⁻¹的NaHCO₃浸提,以钼锑钨为显色剂,在700

nm处使用紫外分光光度计比色测定;全钾(TK)含量用火焰光度计测定。

1.4.2 微生物群落分析

每个样品取0.5 g,采用PowerSoil®DNA Isolation Kit(MoBio Laboratories, Carlsbad, CA, 美国)试剂盒提取土壤微生物基因组DNA,完成抽提后,利用1%琼脂糖凝胶电泳检测基因组DNA的质量和浓度。以提取的基因组DNA为模板,用引物序列338F(ACTCCTACCGGGAGGAGCAG)和806R(GGAC-TACNNGGATCTAAT)扩增细菌16S rDNA基因的高变区V3~V4和真菌ITS1区。

基因组DNA由北京奥维森基因科技有限公司完成MiSeq高通量测序,获得的数据经过序列拼接、过滤和去嵌合体得到优化序列,进行OTU(Operational Taxonomic Units)聚类及各分类水平注释。

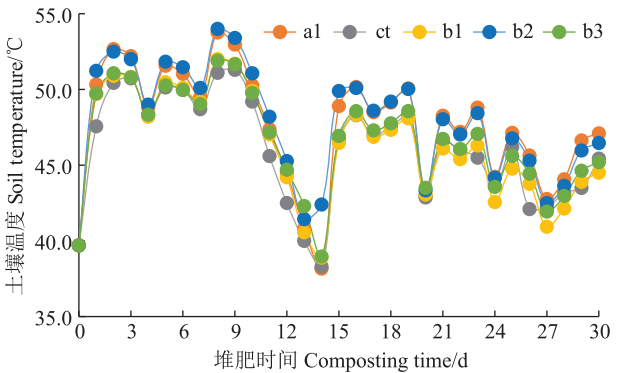
1.4.3 数据处理与分析

土壤理化指标使用Excel 2019进行处理和绘图,使用SPSS 20.0进行单因素和双因素方差分析,用最小显著差异法进行差异显著性检验。微生物数据Hellinger变换、环境因素数据标准化后,进行冗余分析(RDA)和Spearman相关性分析,用TBtools绘制图像。

2 结果与分析

2.1 微生物菌剂对农田土壤温度的影响

图1为土壤原位堆肥期间耕层土壤温度变化。



a1: 添加A微生物菌剂300 kg·hm⁻²; ct: 不添加微生物菌剂; b1: 添加B微生物菌剂300 kg·hm⁻²; b2: 添加B微生物菌剂600 kg·hm⁻²; b3: 添加B微生物菌剂900 kg·hm⁻²。下同。
a1: Adding A microbial agent 300 kg·hm⁻²; ct: No microbial agents are added; b1: Adding B microbial agent 300 kg·hm⁻²; b2: Adding B microbial agent 600 kg·hm⁻²; b3: Adding B microbial agent 900 kg·hm⁻². The same below.

图1 耕层土壤温度的变化

Figure 1 Changes of the topsoil temperature during composting

耕层堆肥分为好氧发酵(堆肥第0~14天)和厌氧发酵(堆肥第15~30天)两个阶段。堆肥初期土壤温度迅速上升,在堆肥第9天左右,所有处理土壤温度达到峰值,之后显著下降($P<0.05$),在第14天后由于密闭温室氧气不足,厌氧菌迅速增加,温度开始显著提高($P<0.05$),在第15~19天达到第二个高峰期。从地温的变化可以看,堆肥过程中,a1和b2处理地温显著高于其他3组处理($P<0.05$)。堆肥全过程a1、b1、b2和b3的最高温度为53.8、52.0、54.0℃和51.9℃,比ct(51.3℃)分别高2.5、0.7、2.7℃和0.6℃。由于试验在设施大棚中进行,土壤温度受天气条件影响,阴雨天

气土温偏低,因此堆肥期间温度有所起伏,高温期比较短暂。综合分析,微生物菌剂投入能影响堆肥土壤温度,a1和b2处理的土壤温度提高最显著。

2.2 不同微生物菌剂投入对土壤理化性质的影响

图2a为土壤pH变化曲线,堆肥期间所有处理pH呈现先上升后下降趋势,堆肥升温期显著上升($P<0.05$)且达到峰值,在堆肥中期逐渐下降,腐熟期达到最低。堆肥初期和中期所有处理pH均在碱性范围波动,堆肥腐熟期各处理pH均在7左右。5组处理pH在堆肥第7天达到峰值,a1和ct处理在堆肥第10天达到最低点,b1和b2处理在第15天达到最低点,b3处

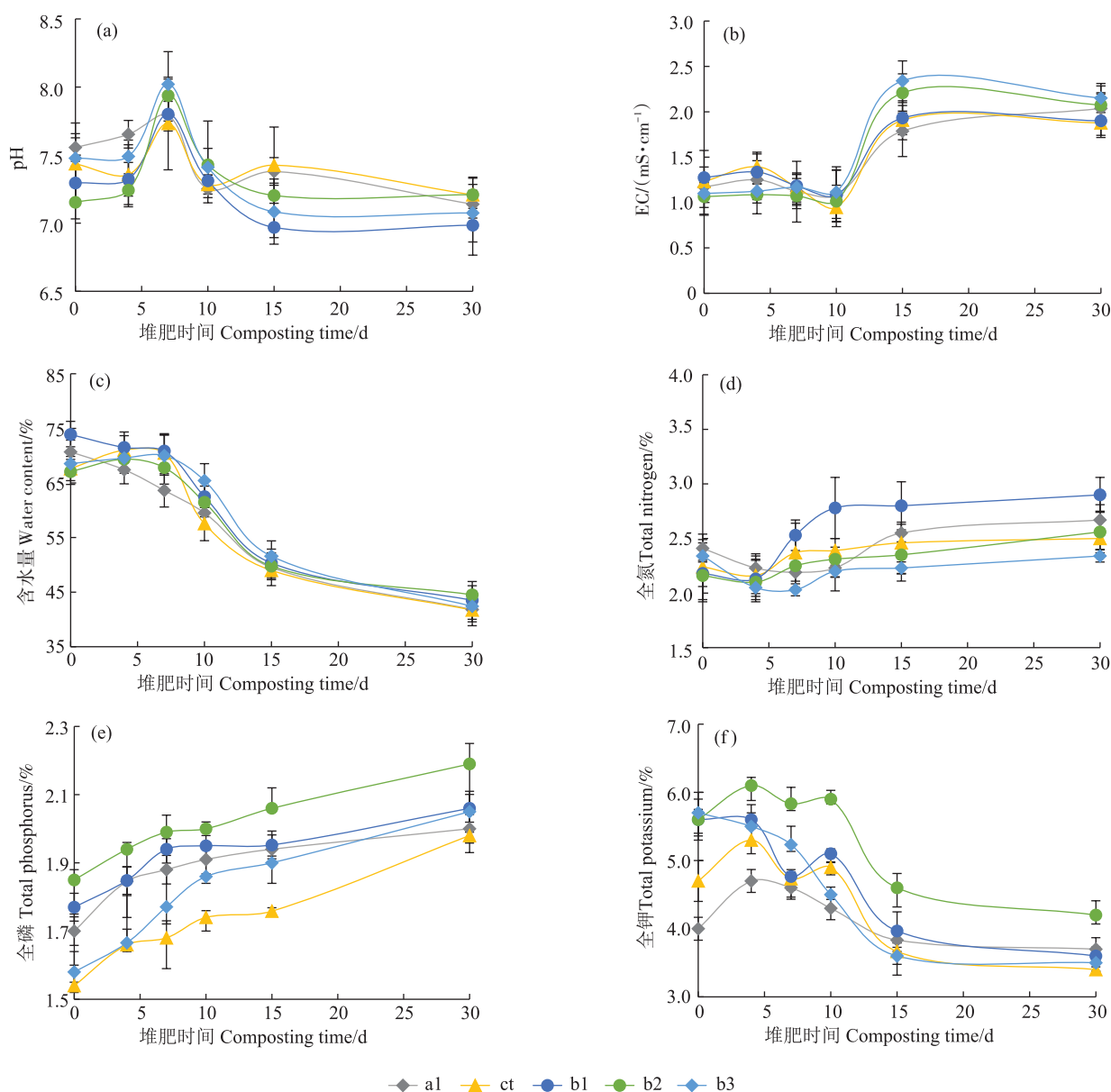


图2 堆肥过程耕层理化性质变化

Figure 2 Changes of physicochemical properties of topsoil during composting

理在第30天达到最低点。添加B菌剂的3种处理pH在堆肥第15天和第30天无显著差异。

堆肥初期各处理EC值在 $1.2\text{ mS}\cdot\text{cm}^{-1}$ 左右波动(图2b),在堆肥第10天开始迅速上升,在第15天达到峰值后稳定在 $2.0\text{ mS}\cdot\text{cm}^{-1}$ 左右。堆肥结束各处理存在显著差异,b2和b3的EC最大值显著高于其他3组处理($P<0.05$)。与堆肥前比较,a1、ct、b1、b2和b3 EC值分别提高了 0.86 、 0.65 、 0.63 、 1.01 $\text{mS}\cdot\text{cm}^{-1}$ 和 $1.05\text{ mS}\cdot\text{cm}^{-1}$ 。5组处理堆肥后的EC值都低于 $2.5\text{ mS}\cdot\text{cm}^{-1}$,符合无害化标准。B菌剂相较于A菌剂更能迅速提高EC值,b3处理提高EC值效率最高。

图2c为土壤原位堆肥期间耕层土壤含水量变化。堆肥结束时各处理之间含水量无显著差异,但升温期走势不同。ct、b2、b3在堆肥升温期含水量小幅上升,而a1、b1在堆肥全过程中均呈下降趋势。ct处理在堆肥第7天含水量显著低于其他处理($P<0.05$),下降更迅速,这可能与土壤温度较高有关。

土壤原位堆肥期间耕层土壤TN、TP、TK变化曲线如图2d、图2e、图2f所示。各处理的TN含量在堆肥初期小幅下降,于堆肥第4天达到最低点后开始上升,从第15天到堆肥结束均较稳定。总体来看,堆肥后TN含量比堆肥前有所提高,a1、ct、b1、b2的TN含量分别上升了 10.8% 、 11.6% 、 33.0% 、 18.5% ,b3处理堆肥前后TN含量未发生变化,最高值表现为 $b1>a1>b2>ct>b3$ 。微生物菌剂有助于茄子秸秆耕层堆肥过程中氮素的保持,堆肥期间b1处理TN含量最高。高温好氧堆肥可以将有机物中难被植物吸收利用的磷元素转变成较易吸收的形态。堆肥完成后各处理TP含量较堆肥前均有显著提高($P<0.05$)。堆肥结束时,处理a1、ct、b1、b2和b3的TP含量分别为 2.0% 、 2.0% 、 2.1% 、 2.2% 和 2.1% ,b2处理显著高于其他处理($P<0.05$)。与堆肥前相比,堆肥后a1和b1处理TP含量虽然增幅相同,但b1较a1在堆肥第7天上升速率更快。添加微生物菌剂能够显著增加原位堆肥TP含量。b3处理堆肥全程TK含量呈下降趋势,其他4组处理TK含量呈堆肥初期升高后下降,高温期再升高后逐渐平稳下降的趋势。堆肥期间TK被作物吸收利用,其含量逐渐降低。处理a1、ct、b1、b2和b3的TK含量分别下降了 0.7% 、 9.7% 、 14.7% 、 9.9% 和 16.3% 。堆肥全程b2处理TK含量显著高于其他处理($P<0.05$)。a1与b1在堆肥结束时无显著差异,但a1在堆肥初期和中期均低于b1,说明A菌剂对钾元素的保持效果较好,B菌剂对补充堆体初始钾元素效果较好。

2.3 不同微生物菌剂投入对土壤微生物的影响

2.3.1 门水平土壤优势菌群分布特征

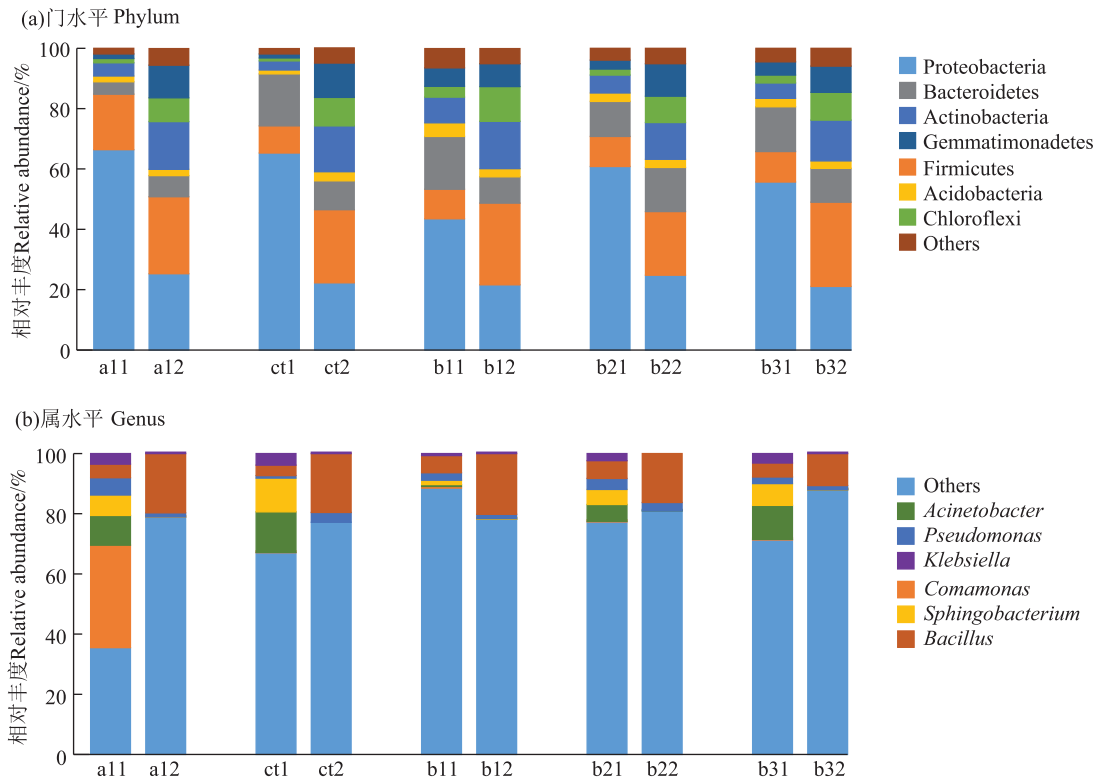
图3a为不同菌剂处理下堆肥前后门水平上的细菌群落结构,共有7个优势门(相对丰度大于 1%),非优势门用Others表示。堆肥期间门水平优势菌群有变形菌门(Proteobacteria)、厚壁菌门(Firmicutes)、酸杆菌门(Acidobacteria)、绿弯菌门(Chloroflexi)、芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、放线菌门(Actinobacteria)。添加微生物菌剂对优势菌群的门类无显著影响,但显著改变了优势菌群的相对丰度($P<0.05$)。堆肥前所有处理丰度最高的菌门是Proteobacteria,相对丰度为 $43.5\%\sim 66.4\%$,添加微生物菌剂处理的Actinobacteria相对丰度显著高于ct($P<0.05$)。a1、ct、b1和b3堆肥后Firmicutes相对丰度最高,为 $24.2\%\sim 27.1\%$,其中a1、b1和b3处理Firmicutes相对丰度高于ct。b2处理Proteobacteria相对丰度最高。

2.3.2 属水平土壤优势菌群分布特征

图3b为不同菌剂处理下堆肥前后属水平上的细菌群落结构,共有6个优势属(相对丰度大于 1%),非优势属用Others表示。堆肥期间属水平优势菌群有丛毛单胞菌属(Comamonas)、芽孢杆菌属(Bacillus)、不动杆菌属(Acinetobacter)、假单胞菌属(Pseudomonas)、鞘氨醇杆菌属(Sphingobacterium)、克雷伯氏菌属(Klebsiella)。添加微生物菌剂改变了堆肥土壤优势菌属种类和相对丰度。堆肥前a1处理Comamonas相对丰度最高(34.0%),ct和b3处理Acinetobacter相对丰度最高($11.2\%\sim 13.2\%$),b1和b2处理Bacillus相对丰度最高($5.7\%\sim 5.9\%$)。堆肥前a1处理Comamonas和Pseudomonas相对丰度显著高于其他处理($P<0.05$)。堆肥后各处理Comamonas、Acinetobacter、Sphingobacterium的相对丰度接近0。添加微生物菌剂显著降低了土壤环境中Sphingobacterium相对丰度($P<0.05$)。

2.3.3 主成分分析

图4为不同微生物菌剂处理堆肥前后门水平细菌主成分分析结果,用于评价微生物群落之间差异。主成分1(PC1)和主成分2(PC2)共占有所有变量方差的 54.80% 。其中PC1和PC2分别占有所有变量方差的 39.61% 和 15.19% ,在所有变量中占主导地位。堆肥前ct、b1、b2、b3的样本集中在第二象限,a1样本在第一象限。相较于ct而言,添加A菌剂对土壤微生物构成影响较大。堆肥后a1、ct、b1、b2的样本集中在第四



横坐标轴最后一位数字“1”表示堆肥前,最后一位数字“2”表示堆肥后。如“a11”为a1处理堆肥前,“a12”为a1处理堆肥后,下同。
The last digit “1” of the abscissa axis indicates before composting, and the last digit “2” of the abscissa axis indicates after composting. For example, “a11” indicates a1 before composting, “a12” indicates a1 after composting. The same below.

图3 堆肥前后门水平和属水平主要细菌分布

Figure 3 Distribution of main bacteria at phylum and genus level before and after composting

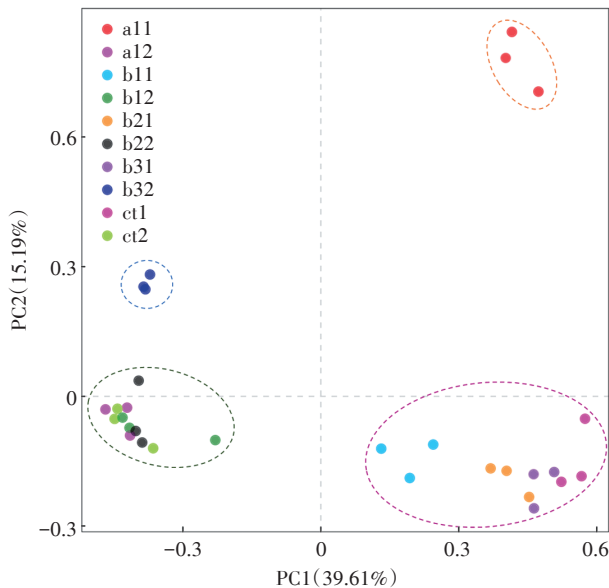


图4 堆肥前后门水平细菌主成分分析

Figure 4 Principal component analysis at phylum level before and after composting

象限,b3样本在第三象限。相较于ct而言,b3对堆肥过程土壤微生物群落演替影响较大。

2.4 土壤微生物群落组成与环境因子之间的关系

2.4.1 冗余分析

将不同菌剂处理的土壤pH、EC、含水量(WC)、TN、TP、TK作为自变量(解释变量),细菌优势菌群门水平前7个菌门(Proteobacteria、Firmicutes、Acidobacteria、Chloroflexi、Gemmatimonadetes、Bacteroidetes、Actinobacteria)和真菌优势菌群门水平前2个菌门[子囊菌门(Ascomycota)和担子菌门(Basidiomycota)]作为响应变量,采用冗余分析进行不同微生物处理的土壤环境因子与门水平优势微生物菌群之间关系的分析。

冗余分析结果见图5。RDA1和RDA2分别解释对物种数据影响程度的69.70%和7.34%。堆肥后a1与ct没有明显分离,b1、b2、b3与ct均有明显分离。根据箭头线长短可得出,细菌群落结构与土壤环境因子相关性表现为Proteobacteria>Firmicutes>Chloroflexi>Actinobacteria>Gemmatimonadetes>Basidiomycota>Bacteroidetes>Acidobacteria>Ascomycota,影响细菌群落结构的环境因子顺序为pH>TP>EC>WC>TN>TK。TN与Firmicutes相对丰度相关性较强,TP、EC与

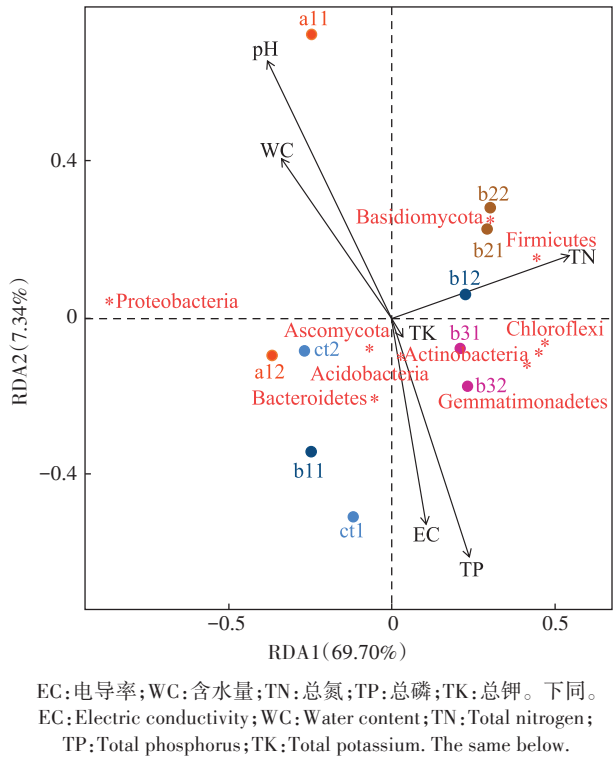


图5 环境因子对微生物群落结构的冗余分析

Figure 5 Redundancy analysis(RDA) of environmental factors on microbial community structure

Acidobacteria 相对丰度相关性较强。

2.4.2 Spearman 相关性分析

图6为门水平7种优势细菌和2种优势真菌与环境因子的Spearman相关性分析。环境因子与Proteobacteria、Firmicutes、Actinobacteria、Chloroflexi、Gem-

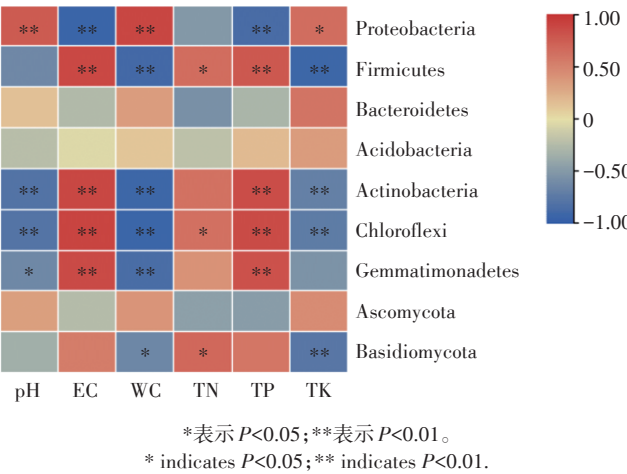


图6 环境因子对微生物群落结构的Spearman相关性分析

Figure 6 Spearman correlation analysis of environmental factors on microbial community structure

matimonadetes 和 Basidiomycota 这几类优势菌门均存在相关性。其中 pH 与 Proteobacteria 呈极显著正相关 ($P<0.01$), 与 Actinobacteria、Chloroflexi 呈极显著负相关 ($P<0.01$), 与 Gemmatimonadetes 呈显著负相关 ($P<0.05$)。EC 与 Proteobacteria 呈极显著负相关 ($P<0.01$), 与 Firmicutes、Actinobacteria、Chloroflexi、Gemmatimonadetes 呈极显著正相关 ($P<0.01$)。pH、WC 和 TK 含量对微生物优势菌门影响相似, 而 EC、TN 和 TP 对微生物优势菌门影响相似。可以看出, EC、WC 和 TP 是与耕层堆肥微生物优势菌群相关性最显著的三个因素, 而 Bacteroidetes、Acidobacteria 和 Ascomycota 与堆肥环境因子无显著相关性。

3 讨论

3.1 微生物菌剂对堆肥土壤温度和养分的影响

堆肥期间土壤最高温度及持续时间可以反映堆肥系统中微生物活性及有机物降解效率^[25]。已有研究表明, 添加微生物菌剂能够提高堆肥温度峰值, 本研究发现添加 A 菌剂 $300\text{ kg}\cdot\text{hm}^{-2}$ 和 B 菌剂 $600\text{ kg}\cdot\text{hm}^{-2}$ 处理堆肥期间升温效果更好 ($P<0.05$), 这与李旺旺等^[26]的研究一致。刘文国等^[27]研究得出添加腐熟剂对秸秆还田后土壤 pH 值无影响, 本研究进一步发现, 添加微生物菌剂处理土壤 pH 均在 6.7~9.0 范围内, EC 小于 $2.5\text{ mS}\cdot\text{cm}^{-1}$, 在满足适宜蔬菜作物栽培条件的同时, 添加微生物菌剂能够提高堆肥期间 pH 下降和电导率上升的速率, 加快堆肥腐熟。含水量能够直观反映堆肥进行的速率, 堆肥初始含水量一般控制在 60%~70%, 本研究未进行翻堆, 各处理含水量曲线下降速率依然较为理想, 证明在蔬菜大棚应用原位堆肥具有可行性。a1、b1 含水量在堆肥前期较其他处理下降速率快, 说明添加微生物菌剂能加快微生物代谢和水分蒸发, 这与胡红伟等^[28]的研究一致。氮元素是判断堆肥质量的重要指标。总氮在整个堆肥阶段呈先下降后升高的趋势, 与陆晓林等^[18]的研究一致。堆肥升温期温度升高, 堆体中的有机氮被分解, 总氮含量降低; 高温期微生物的氨化和矿化作用促使氮源降解, 总氮积累^[29]。本研究发现添加量为 $300\text{ kg}\cdot\text{hm}^{-2}$ 时两种微生物菌剂对堆肥土壤氮元素的固定均有促进作用, 而添加过量微生物菌剂 ($900\text{ kg}\cdot\text{hm}^{-2}$) 会使氮元素流失。全磷和全钾含量可鉴定堆肥产品肥效。添加微生物菌剂能够显著增加堆肥土壤中全磷含量, 添加 $600\text{ kg}\cdot\text{hm}^{-2}$ 的 B 菌剂可以显著提高堆肥土壤中全磷和全钾含量^[30]。

3.2 微生物菌剂对堆肥土壤微生物的影响

细菌占有土壤微生物的70%~90%,对秸秆纤维素的分解起着重要作用^[31]。不同菌剂处理下原位堆肥前后共有7个优势门和6个优势属。门水平上, Proteobacteria有很多细菌与碳氮代谢有关,可加速堆肥进程^[32]。Actinobacteria具有较高的纤维素酶活性,在分解木质素过程中起关键作用。本研究证明添加微生物菌剂有助于提高堆体中Actinobacteria相对丰度,这与李昌宁等^[33]的研究结果一致。Firmicutes有很多能够抑制作物病害的细菌,通常在堆肥的高温期形成耐高温的孢子,并能降解半纤维素和木质素^[34-35]。本研究中,与ct相比,a1、b1、b3处理Firmicutes丰度均显著提高($P<0.05$),b2处理降低,可能是由堆肥温度过高导致。群落菌群与环境因素之间的相互作用对形成群落多样性具有关键作用。RDA分析表明,土壤总氮含量对细菌和群落的影响最为显著,这与Li等^[36]的研究结果一致。Ascomycota和Basidiomycota是真菌优势菌门,能够加速秸秆的分解转化,促进土壤有机质含量增加和土壤肥力的提升^[37]。属水平上,两种复合微生物菌剂主要成分中的枯草芽孢杆菌和地衣芽孢杆菌均为*Bacillus*属,加入微生物菌剂提高了堆体*Bacillus*相对丰度。*Bacillus*属细菌在高温期能够利用难分解的纤维素等有机物为营养物质参与新陈代谢,促进堆体腐熟和稳定化^[38]。本研究中b1和b2处理的*Bacillus*属相对丰度最高,纤维素降解效果更好。*Acinetobacter*属在堆肥过程中对有机基质的分解有很好的作用^[39]。微生物菌剂处理中*Acinetobacter*属含量较少,因此相对丰度低于ct处理。但微生物菌剂添加量与*Acinetobacter*属相对丰度成正比。*Acinetobacter*属于Proteobacteria门,*Bacillus*属于Firmicutes门,微生物菌剂主要通过提高Firmicutes门中*Bacillus*属的相对丰度来影响堆肥效果。

4 结论

(1)添加微生物菌剂能够提高堆肥温度峰值,添加A微生物菌剂300 kg·hm⁻²和添加B微生物菌剂600 kg·hm⁻²处理堆肥期间升温效果更显著。添加微生物菌剂处理土壤pH均在6.7~8.5之间,EC值小于2.5 mS·cm⁻¹,能够提高堆肥期间pH下降和电导率上升的速率,加快堆肥腐熟。添加微生物菌剂能够显著增加堆肥土壤中全磷含量,添加B微生物菌剂600 kg·hm⁻²可以显著提高堆肥土壤中全磷和全钾含量。A菌剂对钾元素的保持效果较好,B菌剂对补充堆体

初始钾元素效果较好。

(2)添加微生物菌剂没有改变优势菌群的门类,但显著改变了优质菌群的相对丰度,以及堆肥土壤优势菌属的种类和相对丰度。相较于不添加菌剂,添加A微生物菌剂300 kg·hm⁻²对土壤微生物构成影响较大;添加B微生物菌剂900 kg·hm⁻²对堆肥过程土壤微生物群落演替影响较大。微生物菌剂主要通过提高Firmicutes门中*Bacillus*属相对丰度影响堆肥效果。

(3)电导率、含水量和全磷含量是对耕层堆肥微生物优势菌群影响最显著的三个因素。

参考文献:

- [1] 吴爱兵,曹杰,朱德文,等. 麦秸与牛粪混合堆沤预处理厌氧干发酵产沼气中的试验[J]. 农业工程学报, 2015, 31(22):264-268. WU A B, CAO J, ZHU D W, et al. Pilot experiment on biogas production of dry fermentation of wheat straw and cow dung with composting pre-treatment[J]. *Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering*, 2015, 31(22):264-268.
- [2] 孙建飞,郑聚峰,程琨,等. 基于可收集的秸秆资源量估算及利用潜力分析[J]. 植物营养与肥料学报, 2018, 24(2):404-413. SUN J F, ZHENG J F, CHENG K, et al. Estimate of the quantity of collectable straw resources and competitive utilization potential[J]. *Journal of Plant Nutrition and Fertilizers*, 2018, 24(2):404-413.
- [3] 戴晓虎,陈淑娴,蔡辰,等. 秸秆主流能源化技术研究与经济性分析[J]. 环境工程, 2021, 39(1):1-17. DAI X H, CHEN S X, CAI C, et al. Research and economic analysis of mainstream energy technologies for straw[J]. *Environmental Engineering*, 2021, 39(1):1-17.
- [4] DU Y, ZHAO Y. Research situation and development trend of resource recycling technology for agricultural wastes[J]. *Asian Agricultural Research*, 2012(10):58-62.
- [5] 何宙阳,徐谓,刘超,等. 木质纤维降解复合菌剂促进堆肥腐熟研究[J]. 土壤, 2020, 52(4):728-735. HE Z Y, XU C, LIU C, et al. Using wood fiber degrading compound microbial agents to promote maturity of composting[J]. *Soils*, 2020, 52(4):728-735.
- [6] 王芳,刘晓风,陈伦刚,等. 生物质资源能源化与高值利用研究现状及发展前景[J]. 农业工程学报, 2021, 37(18):219-231. WANG F, LIU X F, CHEN L G, et al. Research status and development prospect of energy and high value utilization of biomass resources[J]. *Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering*, 2021, 37(18):219-231.
- [7] 田宜水. 我国农作物秸秆综合利用产业促进政策研究[J]. 中国农业资源与区划, 2020, 41(9):28-36. TIAN Y S. Study on the industrial promotion policy of crop straw comprehensive utilization in China[J]. *Chinese Journal of Agricultural Resources and Regional Planning*, 2020, 41(9):28-36.
- [8] 丛宏斌,姚宗路,赵立欣,等. 中国农作物秸秆资源分布及其产业体系与利用路径[J]. 农业工程学报, 2019, 35(22):132-140. CONG H B, YAO Z L, ZHAO L X, et al. Distribution of crop straw resources

- and its industrial system and utilization path in China[J]. *Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering*, 2019, 35(22):132-140.
- [9] 范如芹, 罗佳, 严少华, 等. 农作物秸秆基质化利用技术研究进展[J]. 生态与农村环境学报, 2016, 32(3):410-416. FAN R Q, LUO J, YAN S H, et al. Progresses in study on utilization of crop straw in soilless culture[J]. *Journal of Ecology and Rural Environment*, 2016, 32(3):410-416.
- [10] 左旭. 我国农业废弃物新型能源化开发利用研究[D]. 北京: 中国农业科学院, 2015. ZUO X. A research on the development and utilization of the agricultural residues as new sources energy in China [D]. Beijing: Chinese Academy of Agricultural Sciences, 2015.
- [11] NICOLAE S, JEAN-FRANCOIS D, FABIO M, et al. The role of biomass and bioenergy in a future bioeconomy: policies and facts[J]. *Environmental Development*, 2015, 15(2):3-34.
- [12] 李杰. 不同微生物菌剂对牛粪和玉米秸秆高温腐熟的影响[D]. 兰州: 甘肃农业大学, 2013. LI J. Effects of different microbial agents on cow manure and corn stalk in high temperature composting[D]. Lanzhou: Gansu Agricultural University, 2013.
- [13] 毕于运. 秸秆资源评价与利用研究[D]. 北京: 中国农业科学院, 2010. BI Y Y. Study on straw resources evaluation and utilization in China[D]. Beijing: Chinese Academy of Agricultural Sciences, 2010.
- [14] 韩鲁杰, 冯一清, 杨秀华, 等. 有机肥化肥配施对大棚黄瓜根区土壤与根系特征的影响[J]. 园艺学报, 2022, 49(5):1047-1059. HAN L J, FENG Y Q, YANG X H, et al. Effects of combined application of organic and chemical fertilizers on root zone soil and root characteristics of cucumber in plastic greenhouse[J]. *Acta Horticulturae Sinica*, 2022, 49(5):1047-1059.
- [15] MENŠÍK L, HLISNIKOVSKÝ L, POSPÍŠILOVÁ L, et al. The effect of application of organic manures and mineral fertilizers on the state of soil organic matter and nutrients in the long-term field experiment[J]. *Journal of Soils and Sediments*, 2018, 18(8):2813-2822.
- [16] TOLEDO M, MARQUEZ P, SILES J, et al. Co-composting of sewage sludge and solanaceous vegetables waste at full scale: feasibility study to valorize solanaceous vegetables waste and minimize the odoriferous impact of sewage sludge[J]. *Journal of Environmental Management*, 2019, 247:205-213.
- [17] 赵彬涵, 孙宪昀, 黄俊, 等. 微生物在有机固废堆肥中的作用与应用[J]. 微生物学通报, 2021, 48(1):223-240. ZHAO B H, SUN X Y, HUANG J, et al. Application and effects of microbial additives in aerobic composting of organic solid wastes: a review[J]. *Microbiology China*, 2021, 48(1):223-240.
- [18] 陆晓林, 杨玉欣, 洪春来, 等. 猪粪辅料促进茄果类蔬菜废弃物堆肥品质的微生物机理[J]. 农业环境科学学报, 2022, 41(5):1097-1107. LU X L, YANG Y X, HONG C L, et al. Pig manure amendment improves the quality of products during composting of Solanaceous vegetable waste: a review[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2022, 41(5):1097-1107.
- [19] 刘东明, 孟繁华, 郝艳, 等. 微生物菌剂对堆肥功能微生物重构的影响[J]. 环境科学研究, 2020, 33(9):2011-2019. LIU D M, MENG F H, HAO Y, et al. Effect of microbial agent on reconstruction of functional microbes in compost[J]. *Research of Environmental Science*, 2020, 33(9):2011-2019.
- [20] 尹小青. 堆肥产品对土壤微生物种群及其碳源代谢能力的影响研究[D]. 哈尔滨: 哈尔滨工业大学, 2019. YI X Q. Effects of compost product on soil microbial community and carbon metabolism[D]. Harbin: Harbin Institute of Technology, 2019.
- [21] CHANG H Q, ZHU X H, WU J, et al. Dynamics of microbial diversity during the composting of agricultural straw[J]. *Journal of Integrative Agriculture*, 2021, 20(5):1121-1136.
- [22] 李文兵, 毕江涛, 刘鹏, 等. 牛粪好氧堆肥发酵微生物群落结构演变与环境因子和腐熟度的相关性[J]. 环境工程, 2022, 40(1):69-77. LI W B, BI J T, LIU P, et al. Correlation between the succession of microbial community structure and environmental factors and maturity of cattle manure aerobic composting[J]. *Environmental Engineering*, 2022, 40(1):69-77.
- [23] ZHANG H Y, KRAFFT T, GAO D, et al. Lignocellulose biodegradation in the biodrying process of sewage sludge and sawdust[J]. *Drying Technology*, 2018, 36(3):316-324.
- [24] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 北京: 中国农业出版社, 2000. BAO S D. Soil and agricultural chemistry analysis[M]. Beijing: China Agriculture Press, 2000.
- [25] 曹云, 常志州, 黄红英, 等. 添加腐熟猪粪对猪粪好氧堆肥效果的影响[J]. 农业工程学报, 2015, 31(21):220-226. CAO Y, CHANG Z Z, HUANG H Y, et al. Effect of compost inoculation on pig manure composting[J]. *Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering*, 2015, 31(21):220-226.
- [26] 李旺旺, 刘燕, 李国学, 等. 菌剂和含磷添加剂联合添加对污泥堆肥污染气体排放及堆肥品质的影响[J]. 农业环境科学学报, 2022, 41(4):878-887. LI W W, LIU Y, LI G X, et al. The effect of microbial agent and phosphorus-containing additives on compost maturity and pollutant gas emissions during sewage sludge composting[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2022, 41(4):878-887.
- [27] 刘文国, 赵强, 杨艳美. 秸秆还田处理对土壤理化性状及玉米产量的影响[J]. 中国农学通报, 2018, 34(27):111-117. LIU W G, ZHAO Q, YANG Y M. Straw returning: effects on soil physical and chemical properties and maize yield[J]. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2018, 34(27):111-117.
- [28] 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. HU H W, LI L M, QIAN K, et al. Effect of doses of fermentation inoculum on physico-chemical properties and related enzymic activities during the composting process[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2013, 32(6):1261-1270.
- [29] 王友玲, 邱慧珍, PHILIP G, 等. 通风方式对牛粪堆肥氨气排放与氮素转化的影响[J]. 农业机械学报, 2020, 51(11):313-320. WANG Y L, QIU H Z, PHILIP G, et al. Influence of ventilation modes on ammonia emission and nitrogen conversion in cattle manure composting[J]. *Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery*, 2020, 51(11):313-320.
- [30] HU H, LI L, QIAN K, et al. Relationship between physico-chemical properties and related enzymic activities by inoculating microorgan-

- ism agent in the composting process[J]. *Advanced Materials Research*, 2013, 2480:726-731.
- [31] 张熙栋, 严玲, 周伟, 等. 稻麦轮作下秸秆不同利用方式还田对稻田甲烷排放的影响[J]. 农业环境科学学报, 2021, 40(3):685-692. ZHANG X D, YAN L, ZHOU W, et al. Effects of different straw utilization methods on methane emissions from straw returning to paddy field in a rice-wheat rotation system[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2021, 40(3):685-692.
- [32] ZHONG X, MA S, WANG S, et al. A comparative study of composting the solid fraction of dairy manure with or without bulking material: performance and microbial community dynamics[J]. *Bioresource Technology*, 2018, 247:443-452.
- [33] 李昌宁, 苏明, 姚拓, 等. 微生物菌剂对猪粪堆肥过程中堆肥理化性质和优势细菌群落的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 2020, 26(9):1600-1611. LI C N, SU M, YAO T, et al. Effects of microbial inoculation on compost physical and chemical properties and dominant bacterial communities during composting of pig manure[J]. *Journal of Plant Nutrition and Fertilizers*, 2020, 26(9):1600-1611.
- [34] SOLANKY M, ROBERT A, SINGH R, et al. Characterization of mycolytic enzymes of *Bacillus* strains and their bio-protection role against *Rhizoctonia solani* in tomato[J]. *Current Microbiology*, 2012, 65(3):330-336.
- [35] 蔡涵冰, 冯雯雯, 董永华, 等. 畜禽粪便和桃树枝工业化堆肥过程中微生物群演替及其与环境因子的关系[J]. 环境科学, 2020, 41(2):997-1004. CAI H B, FENG W W, DONG Y H, et al. Microbial community succession in industrial composting with livestock manure and peach branches and relations with environmental factors[J]. *Environmental Science*, 2020, 41(2):997-1004.
- [36] LI C N, LI H Y, YAO T, et al. Microbial inoculation influences bacterial community succession and physicochemical characteristics during pig manure composting with corn straw[J]. *Bioresource Technology*, 2019, 289:121653.
- [37] 常芳娟, 张贵云, 张丽萍, 等. 生物熏蒸配施微生物菌剂对西瓜连作土壤真菌群落结构的影响[J]. 中国生态农业学报(中英文), 2022, 30(2):248-257. CHANG F J, ZHANG G Y, ZHANG L P, et al. Effects of biological fumigation combined with microbial agents on fungi community structure in continuous watermelon cropping soil[J]. *Chinese Journal of Eco-Agriculture*, 2022, 30(2):248-257.
- [38] ZHAO Y, LU Q, WEI Y Q, et al. Effect of actinobacteria agent inoculation methods on cellulose degradation during composting based on redundancy analysis[J]. *Bioresource Technology*, 2016, 219:196-203.
- [39] ZHOU G X, XU X, QIU X, et al. Biochar influences the succession of microbial communities and the metabolic functions during rice straw composting with pig manure[J]. *Bioresource Technology*, 2019, 272:10-18.