

放线菌制剂对大棚黄瓜土壤微生物区系及酶活性的影响

郭晓冬¹, 谭雪莲^{2,3}

(1. 甘肃省农业科学院土壤肥料与节水农业研究所, 甘肃 兰州 730070; 2. 甘肃省农业科学院旱地农业研究所, 甘肃 兰州 730070; 3. 甘肃省水资源高效利用重点实验室, 甘肃 兰州 730070)

摘要: 以武山县塑料大棚黄瓜连作 10 a 的土壤为对象, 研究了放线菌制剂对大棚黄瓜土壤微生物群落结构和酶活性的影响。结果表明, 除结果期外, 与不施放线菌处理相比, 穴施 2 g 放线菌制剂时, 硝化细菌、亚硝化细菌、纤维素厌氧分解菌数量显著升高, 土壤真菌数量则呈下降趋势, 在拉秧期降低了 48.86%; 穴施 4 g 放线菌制剂的土壤蔗糖酶活性显著升高。说明放线菌制剂对大棚黄瓜连作土壤的微生态环境有明显的改善效果。

关键词: 黄瓜; 连作; 放线菌制剂; 土壤微生物; 土壤酶活性

中图分类号: S642.2; S154.3 **文献标志码:** A **文章编号:** 1001-1463(2020)01-0001-08
[doi:10.3969/j.issn.1001-1463.2020.01.001](https://doi.org/10.3969/j.issn.1001-1463.2020.01.001)

Effect of Actinomycetes on Soil Microflora and Enzyme Activities in Cucumber Greenhouse

GUO Xiaodong¹, TAN Xuelian^{2,3}

(1. Institute of Soil, Fertilizer and Water-saving Agriculture, Gansu Academy of Agricultural Sciences, Lanzhou Gansu 730070, China; 2. Institute of Dryland Agriculture, Gansu Academy of Agricultural Sciences, Lanzhou Gansu 730070, China; 3. Key Laboratory of Efficient Utilization of Water in Dry Farming, Lanzhou Gansu 730070, China)

Abstract: The test took the soil which had grew cucumber for ten years as materials in Wushan County greenhouse, the effects of actinomycetes on microbial community structure and enzyme activity in greenhouse cucumber soil were studied. The results showed that compared with the non-actinomycetes treatment, in addition to the fruit stage, the number of nitrifying bacteria, nitrite bacteria and cellulose anaerobic decomposing bacteria increased significantly when 2 g actinomycetes were applied to the hole, while the number of soil fungi showed a decreasing trend, which decreased by 48.86% at the seedling rearing stage; the soil sucrase activity of 4 g actinomycetes was significantly increased. The results showed that actinomycetes could improve the microecological environment of cucumber continuous cropping soil.

Key words: Cucumber; Continuous cropping; Actinomycetes; Soil microorganism; Soil enzyme activity

随着农业产业结构的调整及蔬菜产业的发展, 中国已成为世界设施蔬菜栽培面积最

收稿日期: 2019-09-12

基金项目: 甘肃省农业科学院科技支撑计划(2017GAAS41); 甘肃省农业科学院“土壤培肥及退化修复”科技创新团队(2015GAAS03); 公益性行业(农业)科研专项(201503120); 甘肃省农业科学院科技创新专项计划(2017GAAS28)资助。

作者简介: 郭晓冬(1964—), 女, 陕西渭南人, 研究员, 主要从事土壤及蔬菜栽培生理生态研究工作。Email: guoxiaodong@gsagr.ac.cn。

通信作者: 谭雪莲(1979—), 女, 吉林桦甸人, 博士, 主要从事作物抗旱生理方面的研究工作。Email: tanxuelian_2002@163.com。

大的国家,设施蔬菜产业已成为一些区域的农业支柱产业,是农民增收、农业增效最有效的措施。但目前中国虽是设施蔬菜栽培大国,但并非强国。由于设施蔬菜栽培缺乏基于品种特性、土壤、设施环境的科学量化的管理措施,设施的可持续利用周期较短。加之经济利益的驱使,设施蔬菜栽培过程中出现种植品种单一、复种指数高等问题,连作障碍现象日益突出,出现了设施内土壤环境恶化、设施蔬菜病虫害加重、蔬菜品质变劣、产量降低等一系列不良现象,使设施蔬菜生产的可持续发展受到严重的威胁^[1]。

关于连作障碍机理的研究,诸多学者主要是从土壤养分、土壤酶活性、土壤微生物、根系分泌物等多方面进行分析研究^[2-4]。土壤微生物群落结构的失调和酶活性的变化会造成作物生长发育不良,不仅使作物的产量和品质受到影响,还会使土壤的质量下降、病虫害加剧。生物菌肥能够分泌大量的抗菌素,可以杀死真菌和有害细菌,使多种致病细菌和真菌的生长受到抑制,具有明显的抗病作用^[5]。魏保国等^[6]发现,一定量的生物菌肥与化肥施入番茄连作土壤后,使番茄的产量提高,明显促进了植株的生长。也有研究指出,大棚黄瓜连作土壤中,施用 EM 菌剂可以明显的缓解土壤的连作障碍^[7]。

放线菌制剂具有促进植物根系生长、提高酶活性、降解土壤中作物根系产生的毒素、抑制土壤中病原菌的生长等作用。为了探索放线菌制剂在黄瓜上的应用效果,我们以武山县塑料大棚黄瓜连作 10 a 的土壤为研究对象,主要研究放线菌制剂对土壤微生物区系和酶活性的影响,旨在揭示土壤连作障碍的机理,为防治土壤连作障碍提供参考。

1 材料与方法

1.1 供试材料

指示黄瓜品种为津优 35-2。供试放线菌制剂为康熙牌放线菌活菌制剂(密旋链霉菌),有效活菌数大于 20 亿 /g,由杨凌康熙

农业开发有限公司与杨凌千普农业开发有限公司联合研制,甘肃省农业科学院旱地农业研究所参与研制前期菌种的选择及相关菌剂的提供。

1.2 试验地概况

试验于 2016 年 3—7 月在武山县洛门镇新龙村进行。试验前耕层土壤含有有机质 16.5 g/kg、全盐 0.91 g/kg、速效磷 156.6 mg/kg、速效钾 192 mg/kg、速效氮 101.5 mg/kg, pH 为 8.39。该地区属于温暖半湿润区,年降水量为 450~500 mm,年蒸发量为 1 644 mm。平均日照 2 199 h,年总辐射量为 488.6 kJ/cm²,年日照百分率为 50%。最热月份平均气温为 21.4 ℃,最冷月份平均气温为 -3.4 ℃,年均气温 9~10 ℃。无霜期较长,180~190 d,≥10 ℃的作物生长期 176 d。光热水条件极为优越,适合蔬菜的种植。

1.3 试验设计

试验设置在连作黄瓜 10 a 的塑料大棚内,随机区组设计。根据放线菌制剂施用量的不同,共设 3 个处理,分别为 CK(0 g/穴),T1(2 g/穴),T2(4 g/穴),重复 3 次,小区面积 36 m²(9 m×4 m)。其他栽培管理措施一致。

1.4 供试样品采集

采用“对角线法”布设 5 个采样点进行土样采集。用铲子铲除 1 cm 左右的表土,以避免外界杂质与土样混杂。随机选取植株,连同根系土壤一起用铁铲挖出,抖落掉根系外围土壤,采集 0~20 cm 根际土。将采好的土壤样品装入无菌袋中并标记。

将同小区内的土样混合均匀后用“四分法”处理,保留 2 份土样,其中 1 份土壤样品过 1 mm 的筛,放入 4 ℃冰箱中保存,用于其微生物数量的测定;另 1 份土壤样品放在荫凉处自然风干,过筛,用于测定土壤酶活性、养分和化学性质。

1.5 测定项目与方法

1.5.1 土壤养分与 pH 测定 土壤全盐含量

的测定采用电导法,速效磷含量的测定采用 0.5 mol/L NaHCO₃ 法,速效钾含量采用 1 N NH₄OAc 浸提-火焰光度法,速效氮含量测定采用扩散法,有机质含量的测定采用重铬酸钾-硫酸氧化法,土壤 pH 测定采用电位法^[8]。

1.5.2 土壤微生物测定 细菌采用牛肉膏蛋白胨培养基,真菌采用马丁氏培养基,放线菌的测定采用改良高氏 1 号培养基,氨化细菌采用蛋白胨琼脂培养基,亚硝化细菌采用铵盐培养基,硝化细菌采用亚硝酸盐培养基,纤维素好氧分解菌采用赫奇逊培养基,纤维素厌氧分解菌采用磷酸铵钠培养基^[9]。

采用稀释平板计数法测定细菌(10^{-4})、氨化细菌(10^{-4})、真菌(10^{-1})、放线菌(10^{-3})数量,每个稀释度重复 3 次,28 °C 恒温培养,细菌培养 36 h,真菌培养 3 d,放线菌培养 5 d,取出计数。

采用最大或然数(MPN)法测定亚硝化细菌、硝化细菌(10^{-3} 、 10^{-4} 、 10^{-5} 、 10^{-6})及纤维素好氧分解菌、纤维素厌氧分解菌(10^{-1} 、 10^{-2} 、 10^{-3} 、 10^{-4})的数量。每管培养基中接种土壤悬液 1 mL,每 1 稀释度重复 3 次,另有 1 管接 1 mL 无菌水作为对照,于 28 °C 培养箱中培养 14 d。根据各种菌的生长特性,观察、记录结果。

1.5.3 土壤酶活性测定 过氧化氢酶采用高锰酸钾滴定法,多酚氧化酶采用碘量滴定法,脲酶采用苯酚-次氯酸钠比色法,蔗糖酶采用 3,5-二硝基水杨酸法^[9]。

1.6 数据整理与分析

采用 Excel 办公软件进行数据整理,采用 SPSS 19.0 应用软件进行显著性分析。

2 结果与分析

2.1 放线菌制剂对土壤微生物区系的影响

通过表 1 可以看出,定植前黄瓜土壤中的真菌数量为 4.91×10^3 CFU/g。幼苗期,T1、T2 处理真菌数量分别较 CK 降低了 40.37%和 17.13%。开花期,与 CK 相比,T2 处理真菌数量升高了 17.45%,T1 处理则降低了 15.57%。结果期,T2 处理真菌数量较 CK 显著升高了 44.25%。拉秧期,T1、T2 处理分别较 CK 显著降低了 48.86%和 37.50%。总体而言,与对照相比,除结果期外,穴施 2 g 放线菌制剂的土壤真菌数量降低,可能是由于该剂量抑制了真菌的生长,改善了土壤微生物群落结构。

定植前土壤中放线菌数量为 4.25×10^5 CFU/g。幼苗期,与 CK 相比,T1、T2 处理放线菌数量显著降低了 32.94%和 30.59%。开花期,T1 处理放线菌数量为 1.56×10^5 CFU/g,较 CK 升高了 17.29%;T2 处理放线

表 1 不同处理大棚黄瓜的土壤微生物数量

生育期	处理	细菌	真菌	放线菌	B/F值
		/(10^6 CFU/g)	/(10^3 CFU/g)	/(10^5 CFU/g)	/10 ³
定植前	CK	4.93	4.91	4.25	1.00
	T1	4.93	4.91	4.25	1.00
	T2	4.93	4.91	4.25	1.00
幼苗期	CK	2.35 a	3.27 a	3.40 a	0.72 a
	T1	1.22 b	1.95 b	2.28 b	0.63 a
	T2	1.95 ab	2.71 ab	2.36 b	0.72 a
开花期	CK	2.98 a	2.12 ab	1.33 a	1.41 a
	T1	1.97 b	1.79 b	1.56 a	1.10 ab
	T2	1.55 b	2.49 a	0.35 b	0.62 b
结果期	CK	3.64 a	1.74 b	2.16 b	2.09 a
	T1	3.68 a	1.78 b	2.83 a	2.06 a
	T2	2.47 b	2.51 a	2.86 a	0.98 b
拉秧期	CK	2.42 b	1.76 a	1.69 b	1.38 c
	T1	3.26 a	0.90 b	2.96 a	3.62 b
	T2	3.11 a	1.10 b	2.73 a	2.83 a

菌数量为 0.35×10^5 CFU/g, 较 CK 降低了 73.68%。在结果期, T1 和 T2 处理放线菌数量分别为 2.83×10^5 、 2.86×10^5 CFU/g, 与 CK 相比, 分别升高了 31.02% 和 32.41%。在拉秧期, T1、T2 处理较 CK 分别升高了 75.15%、61.54%。

连作促使土壤微生物区系从高肥的“细菌型”土壤向低肥的“真菌型”土壤转化, 因此可用 B/F(细菌/真菌)的值直观表征土壤肥力的高低。由表 2 可知, 在定植前, 土壤 B/F 值较低, 为 1.00×10^3 CFU/g。在幼苗期, 各处理间差异不显著。在开花期, 与 CK 相比, T1、T2 处理的 B/F 值降低了 21.99%、56.03%。在结果期, T2 处理的 B/F 值为 0.98×10^3 CFU/g, 较 CK 显著降低了 52.63%。在拉秧期, T1、T2 处理的 B/F 值分别为 3.62×10^3 CFU/g、 2.83×10^3 CFU/g, 与 CK 相比显著升高 162.32%、105.07%。

2.2 放线菌制剂对土壤微生物比值的影响

由表 2 可知, 定植前, 细菌、真菌、放线菌在微生物总量中所占的比值分别为 91.98%、0.09%、7.93%。在开花期, 与 CK 相比, T1 处理细菌/微生物总量降低了 3.09 个百分点, 真菌与放线菌在微生物总量中的占比分别升高了 0.01、3.07 百分点; T2 处理细菌/微生物总量和真菌/微生物总量分别升高了 1.94、0.09 百分点, 放线菌/微生物总量降低了 2.03 百分点。在结果期, 与 CK 相比, T1 处理细菌/微生物总量降低了 1.55 百分点, 放线菌/微生物总量升高了 1.55 百分点。在拉秧期, 与 CK 相比, T1 处理细菌/微生物总量、真菌/微生物总量降低了 1.77、0.04 百分点, 放线菌/微生物总量的值升高了 1.82 百分点; T2 处理的细菌/微生物总量、真菌/微生物总量的值降低了 1.50、0.04 百分点, 放线菌/微生物总量的值升高了 1.54 百分点。总体而言, 与对照相比, 结果期、拉秧期放线菌/微生物总量的值升高。

表 2 不同处理大棚黄瓜的土壤三大类群微生物比值

生育期	处理	(细菌数量/ (真菌数量/ (放线菌数量/ 微生物总量) (微生物总量) (微生物总量) ×100 ×100 ×100)		
		细菌数量/ 微生物总量 ×100	真菌数量/ 微生物总量 ×100	放线菌数量/ 微生物总量 ×100
定植前	CK	91.98	0.09	7.93
	T1	91.98	0.09	7.93
	T2	91.98	0.09	7.93
幼苗期	CK	87.23 a	0.12 a	12.65 a
	T1	84.18 a	0.13 a	15.69 a
	T2	89.12 a	0.12 a	10.76 a
开花期	CK	95.68 a	0.07 b	4.25 b
	T1	92.59 b	0.08 b	7.32 a
	T2	97.62 a	0.16 a	2.22 b
结果期	CK	94.36 a	0.05 b	5.60 b
	T1	92.81 ab	0.05 b	7.15 ab
	T2	89.56 b	0.09 a	10.35 a
拉秧期	CK	93.41 a	0.07 a	6.52 a
	T1	91.64 a	0.03 b	8.34 a
	T2	91.91 a	0.03 b	8.06 a

2.3 放线菌制剂对土壤微生物生理类群的影响

氨化细菌作用于含氮有机化合物, 使其分解并释放氨。从表 3 可以看出, 定植前土壤氨化细菌数量为 8.28×10^6 CFU/g。在开花期, 与 CK 相比, T2 处理氨化细菌数量较 CK 升高了 9.79%, T1 处理较 CK 降低了 7.69%。在结果期, 与 CK 相比, T1 处理氨化细菌数量升高了 29.41%, T2 处理的氨化细菌数量较 CK 降低了 14.85%。在拉秧期, T1、T2 处理的氨化细菌数量分别为 2.91×10^6 CFU/g、 3.81×10^6 CFU/g, 分别较 CK 升高了 4.67% 和 37.05%。

硝化作用是氮素循环中微生物作用的重要环节, 土壤中的亚硝化细菌参与土壤的硝化作用, 使土壤中的铵态氮氧化成亚硝酸盐。由表 3 可知, 在定植前, 土壤亚硝化细菌数量为 3.31×10^3 MPN/g。在幼苗期, T1、T2 处理亚硝化细菌数量均升高, 分别为 CK 的 7.8、5.1 倍。在开花期, T1、T2 处理的亚硝化细菌数量分别为 CK 的 3.0 倍和 6.6 倍。在结果期, T1 处理亚硝化细菌数量较 CK 降低了 87.44%; T2 处理的亚硝化细菌数量显著升高, 为 CK 的 2.3 倍。在拉秧期,

表 3 不同处理大棚黄瓜的土壤微生物生理群比值

生育期	处理	硝化细菌 /(10 ⁴ MPN/g)	亚硝化细菌 /(10 ³ MPN/g)	纤维素厌氧分解菌 /(10 ² MPN/g)	纤维素好养分解菌 /(10 ² MPN/g)	氨化细菌 /(10 ⁶ CFU/g)
定植前	CK	2.76	3.31	49.69	121.47	8.28
	T1	2.76	3.31	49.69	121.47	8.28
	T2	2.76	3.31	49.69	121.47	8.28
幼苗期	CK	0.33 b	1.64 c	16.37 c	152.81 a	4.42 a
	T1	27.79 a	12.78 a	27.79 b	122.27 b	3.78 a
	T2	0.33 b	8.30 b	154.86 a	2.77 c	4.07 a
开花期	CK	2.21 c	7.18 c	27.63 b	27.63 b	4.29 a
	T1	3.23 b	21.51 b	150.54 a	118.28 a	3.96 a
	T2	15.88 a	47.65 a	148.25 a	31.77 b	4.71 a
结果期	CK	3.29 a	21.97 b	2.75 b	153.76 a	3.57 b
	T1	2.21 b	2.76 c	49.67 a	27.59 c	4.62 a
	T2	3.30 a	49.47 a	49.47 a	49.47 b	3.04 b
拉秧期	CK	7.83 c	78.25 c	46.95 b	114.77 a	2.78 b
	T1	20.78 b	155.84 a	114.28 a	4.68 b	2.91 b
	T2	47.17 a	115.31 b	47.17 b	115.31 a	3.81 a

T1、T2 处理的亚硝化细菌数量为 155.84×10^3 MPN/g、 115.31×10^3 MPN/g，分别为 CK 的 2.0 倍和 1.5 倍。

在硝化作用过程中，硝化细菌氧化亚硝酸盐为硝酸盐。由表 3 可知，定植前，大棚黄瓜土壤的硝化细菌数量为 2.76×10^4 MPN/g。在幼苗期，T1 处理硝化细菌数量为 CK 的 84.2 倍。在开花期，与 CK 相比，T1、T2 处理硝化细菌数量均升高，分别为 CK 的 1.5 倍和 7.2 倍。在结果期，T1 处理的硝化细菌数量为 2.21×10^4 MPN/g，较 CK 降低了 32.83%。在拉秧期，与 CK 相比，T1、T2 处理的硝化细菌数量显著升高，分别为 CK 的 2.7 倍和 6.0 倍。

纤维素的分解在自然界碳素循环过程中发挥着重要的作用，既可以提高土壤的肥力，又能增加作物的产量。从表 3 可以看出，在定植前，土壤中的纤维素好氧分解菌数量为 121.47×10^2 MPN/g。在幼苗期，T1、T2 处理纤维素好氧分解菌数量均降低，分别较 CK 降低了 19.99%、98.19%。在开花期，与 CK 相比，T1、T2 处理纤维素好氧分解菌数量分别升高了 328.09%和 14.98%。在结果期，T1、T2 处理纤维素好氧分解菌数量较 CK 显著降低了 82.06%、67.83%。在拉秧期，与 CK 相比，T1 处理纤维素好氧分解

菌数量显著降低 95.92%。

由表 3 可知，在定植前，土壤中纤维素厌氧分解菌的数量为 49.69×10^2 MPN/g。在幼苗期，T1、T2 处理纤维素厌氧分解菌数量较 CK 分别升高了 69.76%、846.00%。在开花期，T1、T2 处理纤维素厌氧分解菌数量较 CK 分别升高了 444.84%、436.55%。在结果期，与 CK 相比，T1、T2 处理纤维素厌氧分解菌数量分别升高了 1 706.18%、1 698.91%。在拉秧期，T1、T2 处理纤维素厌氧分解菌数量为 114.28×10^2 MPN/g、 47.17×10^2 MPN/g，分别较 CK 升高了 143.41%和 0.47%。

2.4 放线菌制剂对土壤酶活性的影响

过氧化氢酶能够促进过氧化氢分解为水和氧气，从而降低过氧化氢的毒害作用。由表 4 可知，在定植前，大棚黄瓜土壤中的过氧化氢酶活性为 1.23 mL/g。在幼苗期，T2 处理的过氧化氢酶活性为 1.25 mL/g，较 CK 显著降低了 13.79%。在开花期和结果期，CK、T1、T2 处理的过氧化氢酶活性差异不显著。在拉秧期，CK、T1、T2 处理的过氧化氢酶活性分别为 0.91、1.04、1.08 mL/g，与 CK 相比，T1、T2 处理的过氧化氢酶活性分别升高 14.29%、18.68%。

有机质的转化和腐殖质的形成离不开土壤多酚氧化酶的作用。由表 4 可知，在定植

前, 土壤中的多酚氧化酶活性为 10.5 mg/kg。在幼苗期, T1、T2 处理的多酚氧化酶活性分别较 CK 升高了 55.42%、39.76%。在开花期, 与 CK 相比, T1、T2 处理的多酚氧化酶活性分别降低了 3.74%、20.56%。在结果期, T1 处理的多酚氧化酶活性为 9.8 mg/kg, 较 CK 升高了 13.95%。在拉秧期, T1、T2 处理的多酚氧化酶活性降低, 分别较 CK 降低了 3.66%、10.98%。

土壤蔗糖酶是土壤碳代谢的关键酶, 有利于增加土壤中易溶性营养物质。从表 4 可以看出, 在定植前, 大棚黄瓜土壤中的蔗糖酶活性为 10.54 mg/(g·h)。在幼苗期, 与 CK 相比, T1、T2 处理的蔗糖酶活性分别升高了 8.88%、20.04%。在开花期, T2 处理的蔗糖酶活性是 11.74 mg/(g·h), 较 CK 升高了 10.23%。在结果期, 与 CK 相比, T1、T2 处理的蔗糖酶活性均降低, 其中 T1 处理显著降低了 9.55%。在拉秧期, 与 CK 相比, T1、T2 处理的蔗糖酶活性分别较 CK 升高 21.07%、19.54%。

土壤脲酶促进土壤氮素的转化。由表 4 可知, 定植前, 大棚黄瓜土壤中的脲酶活性为 45.56 mg/(g·h)。在幼苗期, T1、T2 处

理的脲酶活性分别较 CK 升高了 7.03%、12.93%。在开花期, 与 CK 相比, T1、T2 处理的脲酶活性分别升高了 12.72%、6.94%。在结果期, 各处理间差异不显著。在拉秧期, 与 CK 相比, T1、T2 处理的脲酶活性分别升高了 0.96%、4.86%。除结果期外, 施用放线菌制剂后土壤的脲酶活性均有升高, 促进了土壤氮素的转化。

3 小结与讨论

试验结果表明, 放线菌制剂对大棚黄瓜连作土壤的微生物区系和酶活性有明显的影响。除结果期外, 大棚黄瓜土壤中穴施 2 g 放线菌制剂时, 显著提高了土壤硝化细菌、亚硝化细菌、纤维素厌氧分解菌数量, 真菌数量则呈下降趋势, 穴施 4 g 放线菌制剂显著提高了蔗糖酶活性。我们通过试验还发现, 与对照相比, 施用放线菌制剂后, 土壤中的硝化细菌、亚硝化细菌、纤维素厌氧分解菌数量升高, 这表明施用放线菌制剂有效地改善了土壤的微生物群落结构。

土壤微生物对土壤中植物有效养分的吸收和转化、土壤生物修复及有害生物的综合防治都有着十分重要的作用, 它是土壤生态系统的重要组成部分。因此, 土壤微生物是判定生态系统是否受到干扰或污染最灵敏和最有用的生物学指标^[10-11]。不同菌剂的施用会形成代谢类型不同的土壤微生物种群, 导致土壤微生物功能多样性发生变化, 改变土壤的微生物群落结构^[12]。

安亚虹等^[13]的研究表明, 施用微生物制剂后, 明显的修复了设施黄瓜土壤的连作障碍。张鸿雁等^[14]在研究放线菌制剂对人参生长及根域土壤微生物区系的影响时发现, 施用放线菌制剂后, 土壤中有益菌增多, 病原真菌数量减少。而本试验的结果表明, 施用放线菌制剂后, 大棚黄瓜土壤中的细菌数量下降。这可能是由于施用放线菌制剂后, 土壤中的放线菌比例增加引起的。张丽娟等^[15]研究发现, 施入生物菌肥有利于

表 4 不同处理大棚黄瓜的土壤酶活性

生育期	处理	过氧化氢酶 /(mL/g)	蔗糖酶 /[mg/(g·h)]	脲酶 /[mg/(g·h)]	多酚氧化酶 /(mg/kg)
定植前	CK	1.23	10.54	45.56	10.5
	T1	1.23	10.54	45.56	10.5
	T2	1.23	10.54	45.56	10.5
幼苗期	CK	1.45 a	10.13 b	49.05 b	8.3 c
	T1	1.43 a	11.03 ab	52.50 ab	12.9 a
	T2	1.25 b	12.16 a	55.39 a	11.6 b
开花期	CK	1.34 a	10.66 b	53.44 b	10.7 a
	T1	1.34 a	10.24 b	60.24 a	10.3 a
	T2	1.30 a	11.74 a	57.15 ab	8.5 b
结果期	CK	1.49 a	12.36 a	58.36 a	8.6 a
	T1	1.50 a	11.18 b	57.04 a	9.8 a
	T2	1.50 a	11.84 ab	57.47 a	8.7 a
拉秧期	CK	0.91 b	7.83 b	55.09 b	8.2 a
	T1	1.04 a	9.48 a	55.62 b	7.9 a
	T2	1.08 a	9.36 a	57.77 ab	7.3 a

改善设施哈密瓜土壤的微生物群落结构,抑制土壤中真菌的生长,促进放线菌、细菌的繁殖。本试验中,大棚黄瓜土壤中施入放线菌制剂 2 g/穴时,土壤中的真菌数量在苗期、开花期、拉秧期呈现下降趋势,在苗期降低最为明显,较不添加放线菌制剂降低 40.37%,这与上述研究结论一致。

土壤中的含氮有机物无法被植物直接利用,必须经过微生物的分解之后才能被吸收利用,而氨化细菌、亚硝化细菌、硝化细菌在自然界的氮素循环中起到至关重要的作用。有机氮的分解过程主要包括氨化作用和硝化作用,氨化细菌能够分解氨基化合物并生成氨,亚硝化细菌可以将氨转化成亚硝酸盐,硝化细菌又将亚硝酸盐转化成硝酸盐。氨化作用在有机氮的分解过程中占主导地位。

纤维素分解菌的分布与土壤的性状、肥力有不可分割的关系。土壤酶来源于土壤微生物的代谢、根系分泌物的释放及动植物残体的分解,是保证土壤生物-化学过程能够持续进行的重要动力^[16]。土壤酶活性与土壤养分含量的高低和施肥措施等都有直接关系^[17]。刘素慧等^[18]研究发现,施用 EM 后,可以有效地改善连作大蒜根际土壤的微生物结构,并且使得根际土壤的脲酶、多酚氧化酶和过氧化氢酶活性增强。也有研究指出,微生物菌肥均能够增加黄瓜连作土壤中过氧化氢酶、脲酶、淀粉酶和蔗糖酶活性,但不同生物菌肥,对不同酶活性的增加效果不相同^[19]。本试验显示,与不施放线菌菌剂相比,穴施 4 g 放线菌菌剂土壤过氧化氢酶活性在苗期显著降低,拉秧期显著升高,其他生育期无明显差异。这与李金岚^[20]的与不施生物菌肥相比,各处理土壤过氧化氢酶活性显著升高,且随着生物菌肥施入量的增加逐渐增强的结论不一致。由此可见,不同作物、不同生物菌肥,施肥量的不同,土壤中酶活性的变化不同。土壤连作障碍是否得到缓解,还需要结合作物生长、产量、果实品质的变

化以及病虫害的发生情况进一步求证。

参考文献:

- [1] 霍林,杨思存,王成宝,等. 黄瓜连作对土壤微生物多样性和酶活性的影响[J]. 甘肃农业科技, 2018(10): 30-36.
- [2] LARKIN R P, GRIFFIN T S. Control of soil borne potato diseases using *Brassica* green manures[J]. *Crop Protection*, 2007, 26(7): 1067-1077.
- [3] SUN G W, CHEN R Y, LIU H C. Causes and control measures for continuous cropping obstacles in protected vegetable cultivation[J]. *Transactions of the CSAE*, 2005, 21(8): 184-188.
- [4] 张文明,邱慧珍,张春红,等. 马铃薯根系分泌物成分鉴别及其对立枯丝核菌的影响[J]. *应用生态学报*, 2015, 26(3): 859-866.
- [5] GIRI S, PATI B R. A comparative study on phyllosphere nitrogen fixation by newly isolated *Corynebacterium* sp. & *Flavobacterium* sp. and their potentialities as biofertilizer[J]. *Aeta Microbiol Immunol Hung*, 2004, 51(1-2): 47-56.
- [6] 魏保国,王明友. 生物菌肥对设施连作番茄生长及产量和品质的影响[J]. *北方园艺*, 2014(2): 172-175.
- [7] 喻国辉,谢银华,陈燕红,等. 利用微生物缓解苯丙烯酸对黄瓜生长的抑制[J]. *微生物学报*, 2006, 46(6): 934-938.
- [8] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 北京: 中国农业出版社, 2000.
- [9] 王倩. 不同覆盖模式对旱地苹果园土壤养分、微生物和酶活性影响的研究[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2015.
- [10] 马玲,马琨,杨桂丽,等. 马铃薯连作栽培对土壤微生物多样性的影响[J]. *中国生态农业学报*, 2015, 23(5): 589-596.
- [11] 孙文泰,马明,刘兴禄,等. 地表覆盖方式对陇东旱塬苹果园根际土壤微生物与酶活性的影响[J]. *甘肃农业科技*, 2017(12): 64-68.
- [12] 雷先德,李金文,徐秀玲,等. 微生物菌剂对菠菜生长特性及土壤微生物多样性的影响