

不同种植年限设施芦笋土壤微生物群落结构与功能研究^①

周德平^{1, 2}, 褚长彬¹, 范洁群¹, 姜震方¹, 吴淑杭^{1*}

(1 上海市农业科学院生态环境研究所, 上海 201403; 2 上海东保农业科技有限公司, 上海 201106)

摘要: 以上海某设施园艺场长期设施芦笋种植土壤为研究对象, 采用常规梯度稀释混菌平板法和 Biolog-Eco 微平板反应系统, 研究了芦笋设施种植 1、3、5、8 及 11 年棚土壤微生物群落结构及功能多样性。结果表明: 设施栽培芦笋后, 土壤细菌种群数量减少, 真菌数量增加, 细菌与真菌数量比(B/F 值)降低; 除 11 年棚表现特殊外, 随种植年限增加, 土壤微生物代谢活性逐渐下降, 5 年和 8 年棚 AWCD 值均仅为对照 1 年棚的 15% 左右; 土壤微生物代谢类群多样性减少, 5 年和 8 年棚的土壤微生物丰富度指数(S)均仅为对照 1 年棚的 72% 左右, Shannon 指数均为对照 1 年棚的 82% 左右, McIntosh 指数则均为对照 1 年棚的 90%; 不同种植年限芦笋设施土壤中微生物群落的碳源代谢特征发生了明显的分异变化, 主成分分析表明, 这种变化主要体现在对 6 种碳水化合物和 5 种氨基酸碳源的代谢利用上; 设施芦笋土壤微生物参数指标对土壤 pH 和 EC 值变化响应敏感, 另外, 土壤速效磷和速效钾含量也是影响土壤微生物代谢和区系分异的 2 个主要因素。

关键词: 芦笋; 设施土壤; 微生物群落; 多样性

中图分类号: X53; S154.3

芦笋为多年生宿根性药食兼用蔬菜, 一次根植, 采收期可长达 20 年, 目前国内多省均有大面积设施栽培。但随种植年限增加, 土壤环境逐渐恶化, 耕地质量退化, 病虫害频发, 10 年左右设施棚芦笋生产性能受损, 非盐生植物几乎不能正常生长。在土壤健康分析和评估指标中, 理化性状虽能量化分析, 但并不直接反映土壤中生命体的受影响程度和未来趋势, 而土壤微生物指标则能直接反映土壤环境变化后的潜在影响和实际毒害, 真实反映污染或次生障碍对生物系统的危害程度, 不仅可对污染进行评价和早期预警, 而且可为后期的治理和修复提供相关的科学依据和方向^[1-2]。本文采用梯度稀释混菌平板法和用于分析整个土壤微生物类群碳源代谢活性和代谢功能多样性的 Biolog-Eco 分析技术^[3-4], 研究了芦笋不同种植年限下设施土壤微生物类群的丰度、区系结构和代谢类群多样性的差异及趋势变化, 以期对芦笋多年设施种植导致的土壤次生障碍防控和治理提供科学依据和相关技术路径。

1 材料与方法

1.1 试验区概况

试验在上海崇明岛某设施园艺场进行, 该基地目

前设施芦笋种植面积约 167 hm², 分别根植于不同年份, 最早的有 15 年, 也有近一两年新发展的。调查发现, 试验基地高年限棚芦笋生长势及生产力退化明显, 8 年及以上设施棚芦笋母株长势弱、发病率高, 产量仅为 3~5 年棚的一半左右, 土壤次生盐渍化和酸化严重。

1.2 试验设计及样品采集

研究基地位于长江入东海口的冲积岛上, 其土地围垦使用后一直由园艺场规模化经营种植、连片管理, 各地块间土壤初始性质相似。试验中, 随机选取 1、3、5、8 和 11 年设施芦笋棚各 3 只, 其中 1 年棚采样时正处于定植初期刚起棚阶段, 故以其检测值作为对照参考。每棚按“S”形布 10 个点取 0~20 cm 耕作层土样, 装入无菌袋, 混匀备用。

1.3 检测项目及方法

1.3.1 土壤理化指标 pH 采用酸度计法(土水比 1:5)测定; EC 采用电导仪法(土水比 1:5, 文中土壤盐分均用 EC_{1:5} 值表示)测定; 速效氮采用碱解氮法测定; 速有效磷采用 0.5 mol/L NaHCO₃ 浸提-钼锑抗比色法测定; 速效钾采用 NH₄OAc 浸提-火焰光度计法测定; 有机质含量采用重铬酸钾容量法测定^[5]。

1.3.2 土壤微生物三大类 土壤细菌、真菌、放线

基金项目: 上海市农业科学院发展基金项目(沪农科发 2008(08))和上海市自然科学基金项目(12ZR1427500)资助。

* 通讯作者(wushuhang88@163.com)

作者简介: 周德平(1976—), 女, 河南信阳人, 副研究员, 主要从事新型生物肥料及农业环境微生物学领域研究。E-mail: zhoudeping919@163.com

菌种群数量及区系分析采用梯度稀释平板混菌法,培养基组成见文献[6]。

1.3.3 土壤微生物代谢活性及多样性分析 采用美国 Biolog-Eco 碳源利用分析系统,Eco 板(96 孔)内含与作物根系分泌物和生态密切相关碳源 31 种,同一块板上对 31 种碳源分别做了 3 次重复。Eco 板 25℃ 温育 5 h,将待测土样用灭菌接种液梯度稀释至 10^{-3} ,用 8 孔道电子移液器加样,每孔接种量 130 μl ,30℃ 恒温培养 5 天,分别在不同培养时间读取反应孔吸光值变化,计算 AWCD 值(平均每孔光密度)并进行生物多样性分析^[7-9]。

1.4 数据处理

差异显著性、多样性指数及聚类、主成分分析等

分别由 DPS7.05 的多元统计、数学生态学及模糊聚类和多因素分析等模块完成,图表及其他数据统计分析则由 DPS7.05 结合 Excel 2007 共同完成。

2 结果与分析

2.1 不同种植年限芦笋棚土壤化学性状差异

不同种植年限设施芦笋棚土壤化学性状见表 1。表 1 显示:随种植年限延长,土壤 pH 不断下降,EC 值不断上升,酸化和次生盐渍化程度不断加重;10 年间,土壤速效氮、速效钾和有机质含量总体呈增长趋势,表现为速效养分的逐渐累积效应,其中速效钾含量增长迅速,速效磷含量则都在 35.0 mg/kg 附近波动,不同种植年限间无明显差异。

表 1 不同种植年限芦笋设施土壤化学性状差异
Table 1 Chemical properties of greenhouse soils under different asparagus-planting years

种植年限 (年)	pH	EC ($\mu\text{S}/\text{cm}$)	速效氮 (mg/kg)	速效磷 (mg/kg)	速效钾 (mg/kg)	有机质 (g/kg)
1	7.3 a	561 c	79.3 c	35.0 a	116.7 c	25.5 b
3	6.1 b	2 283 b	88.7 ab	35.5 a	480.0 b	28.5 a
5	5.4 c	2 583 ab	84.0 bc	36.9 a	593.3 a	28.8 a
8	5.6 c	3 007 a	94.5 a	34.6 a	570.0 a	29.5 a
11	5.5 c	2 730 ab	93.3 a	33.9 a	580.0 a	30.0 a

注:表中同列数据小写字母不同表示差异显著($P<0.05$),下表同。

2.2 不同种植年限芦笋棚土壤微生物种群数量及区系比例

不同种植年限设施芦笋土壤微生物种群数量及区系变化见图 1。图 1 表明,除 5 年棚因管理措施差异而表现特殊外,土壤细菌种群数量都低于对照 1 年棚;随大棚种植年限增加,土壤放线菌和真菌数量呈先增加后降低的趋势,但都高于对照(1 年棚),其中 5 年、8 年棚增幅明显,真菌分别为 1 年棚的 145

倍和 9.9 倍、放线菌分别为 1 年棚的 9.3 倍和 6.6 倍;种植 11 年的设施芦笋土壤微生物数量明显降低,其细菌和微生物总数比对照(1 年棚)分别降低 50% 和 44.7%,这可能是由于芦笋多年设施种植过程中连续大量施肥且环境密闭缺乏雨水淋洗导致土壤酸化、次生盐渍化程度高,使微生物处于胁迫状态,生长繁殖受到抑制。

土壤中细菌和真菌的比值(B/F)是土壤微生物区系结构的一个重要特征指标。从图 2 可看出,刚起棚(1 年)时土壤 B/F 值最大,芦笋设施种植后 B/F 值急剧降低,尤其是土壤微生物数量增幅大的 5 年棚,其 B/F 值仅为 1 年棚的 1.23%。这说明芦笋设施种植后,由于大量施肥及大棚微气候环境的变化,导致了土壤中真菌大量繁殖,使其在整个微生物区系中所占的比例急速增加,而真菌比例的增加则可能是作物土传真菌病害加重的一个潜在信号,间接反映着作物真菌病害可能发生的状况和程度^[10]。

2.3 不同种植年限芦笋棚土壤微生物群落功能多样性变化

2.3.1 土壤微生物群落碳源代谢分析 AWCD 值(平均每孔光密度)可反映土壤微生物群落对 31 种碳源的代谢利用特征,对土壤环境变化反应敏感,Biolog-

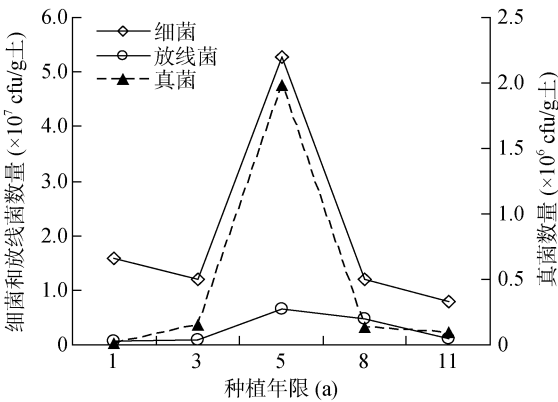


图 1 不同种植年限设施芦笋棚土壤微生物三大类数量差异状况
Fig. 1 Amounts of bacteria, fungi and actinomycetes in greenhouse soils under different asparagus-planting years

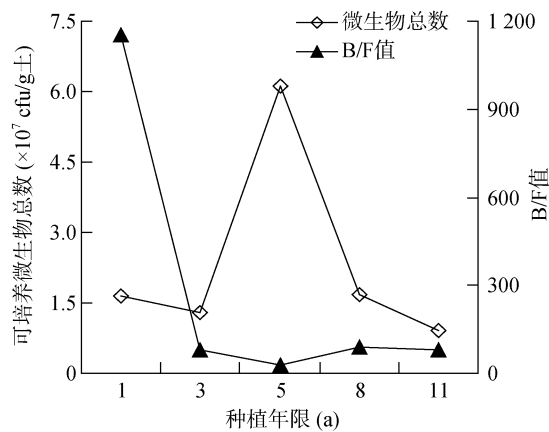


图 2 不同种植年限设施芦笋棚土壤微生物总数与 B/F 值差异状况

Fig. 2 Microbe populations and B/F values in greenhouse soils under different asparagus-planting years

Eco 系统可据 AWCD 值估测微生物群落的代谢状况。此外,碳源代谢的多样性指数分析则能更准确地反映微生物群落功能多样性变化,其中 Shannon 指数能客观反映物种的丰富度和均匀度,微孔中能被利用的碳源越多且利用强度越大,则 Shannon 指数也越大;McIntosh 指数既能反映碳源利用种类数上的差别,也能区分利用程度上的不同,碳源利用种类数相同时,利用程度大的则其 McIntosh 指数大。本文以 Eco 板培养 110 h 时检测值分析不同种植年限设施芦笋土壤微生物群落的碳源代谢活性和生物多样性指数,结果见表 2。从表 2 可看出:芦笋设施种植后,土壤微生物不论在 AWCD 值、物种丰富度(S)上,还是在

Shannon 和 McIntosh 指数上都低于对照(1 年棚);除 11 年棚表现特殊外,总体而言,随种植年限增加,土壤微生物 AWCD 值、物种丰富度(S)及 Shannon 和 McIntosh 指数均呈逐渐下降趋势。此结果反映出芦笋多年设施种植导致土壤微环境发生改变,这种改变不同程度地抑制了土壤微生物的代谢活性,降低了土壤微生物碳源代谢类群的多样性。其中 5 年棚土壤可培养微生物数量因栽培管理措施原因虽有较大幅度增加,但其细菌与真菌的数量比(B/F 值)却明显低于其他棚,与对照 1 年相比,土壤微环境的改变使真菌所占比例大幅增加,同时也导致土壤微生物代谢类群多样性下降,Biolog 微平板中能够被利用的碳源种类减少,可能是其 AWCD 值低于其他棚的主要原因。5 年棚的物种丰富度(S)是所试棚中的最低者($S=16$)、其他生物多样性指数(Shannon-Wiener 指数、McIntosh 指数)均明显低于对照 1 年的结果也从侧面反映了这种推测的合理性,另外,以土壤微生物对 Eco 板 31 种碳源代谢的指纹信息,对不同种植年限棚土壤微生物类群进行营养代谢的模糊聚类,结果如图 3。图 3 显示,处于刚起棚阶段的 1 年棚土壤微生物碳源代谢特征自成一类;经过芦笋设施栽培的其他年限棚土壤微生物代谢类型相似性高于 77% 而聚为另外一大类,其中 5 年棚和 8 年棚代谢特征相似度最高,11 年棚芦笋虽然设施栽培时间最长,但表现特殊(原因未知),其微生物碳源代谢特征在聚类树上离 5 年和 8 年棚相对较远,与 3 年棚距离更近。

表 2 不同种植年限设施芦笋土壤微生物群落多样性指数差异
Table 2 Microbial community diversities in greenhouse soils under different asparagus-planting years

种植年限 (年)	AWCD 值	物种丰富度 (S)	Shannon-Wiener (H')	McIntosh (D_{Mc})	均匀度 (J')
1	0.52 a	22 ab	4.31 a	0.77 a	0.97 a
3	0.50 a	26 a	4.09 ab	0.74 ab	0.87 b
5	0.08 b	16 b	3.60 b	0.70 b	0.90 b
8	0.09 b	17 b	3.51 b	0.68 b	0.87 b
11	0.38 a	24 ab	4.00 ab	0.73 ab	0.87 b

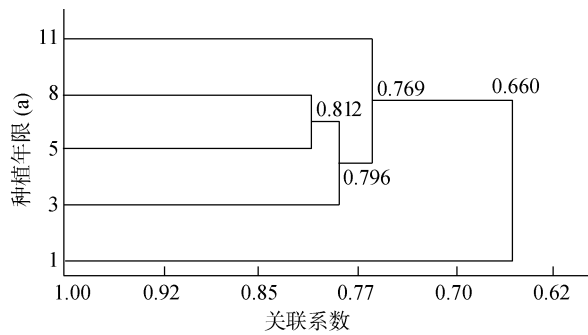


图 3 基于 Biolog-Eco 系统碳源代谢的模糊聚类

Fig. 3 Clustering analysis based on 31 carbon source of the Biolog-Eco system

2.3.2 不同种植年限设施芦笋土壤微生物对不同碳源的利用特征分析 据化学基团不同将 Eco 板的 31 种碳源分为 6 大类,分别为碳水化合物类(12 种)、氨基酸类(6 种)、羧酸类(5 种)、聚合物类(4 种)、酚酸类(2 种)和胺类(2 种)^[11]。不同种植年限设施芦笋土壤微生物对 6 大类碳源的代谢特征见图 4:总体上,1 年棚土壤微生物对所有碳源的代谢活性都相对较高,其速度明显快于其他年限棚,除酚酸和羧酸类碳源外,其他 4 类碳源基本上在 60 h 时均达到一个代谢消耗的峰值;其次为 3 年棚,再次为 11 年;5 年和 8 年棚土

壤微生物的碳源代谢利用能力最弱，二者水平相近。
从图 4 还可以看出：碳水化合物和羧酸类碳源容易利用，代谢速度相对较快，酚酸类碳源底物代谢速度最

慢。芦笋设施种植后，与对照 1 年棚相比，代谢氨基酸、胺、多聚物和酚酸类碳源的土壤微生物类群发生了变异，能力减弱，需经一定时间诱导后才能恢复。

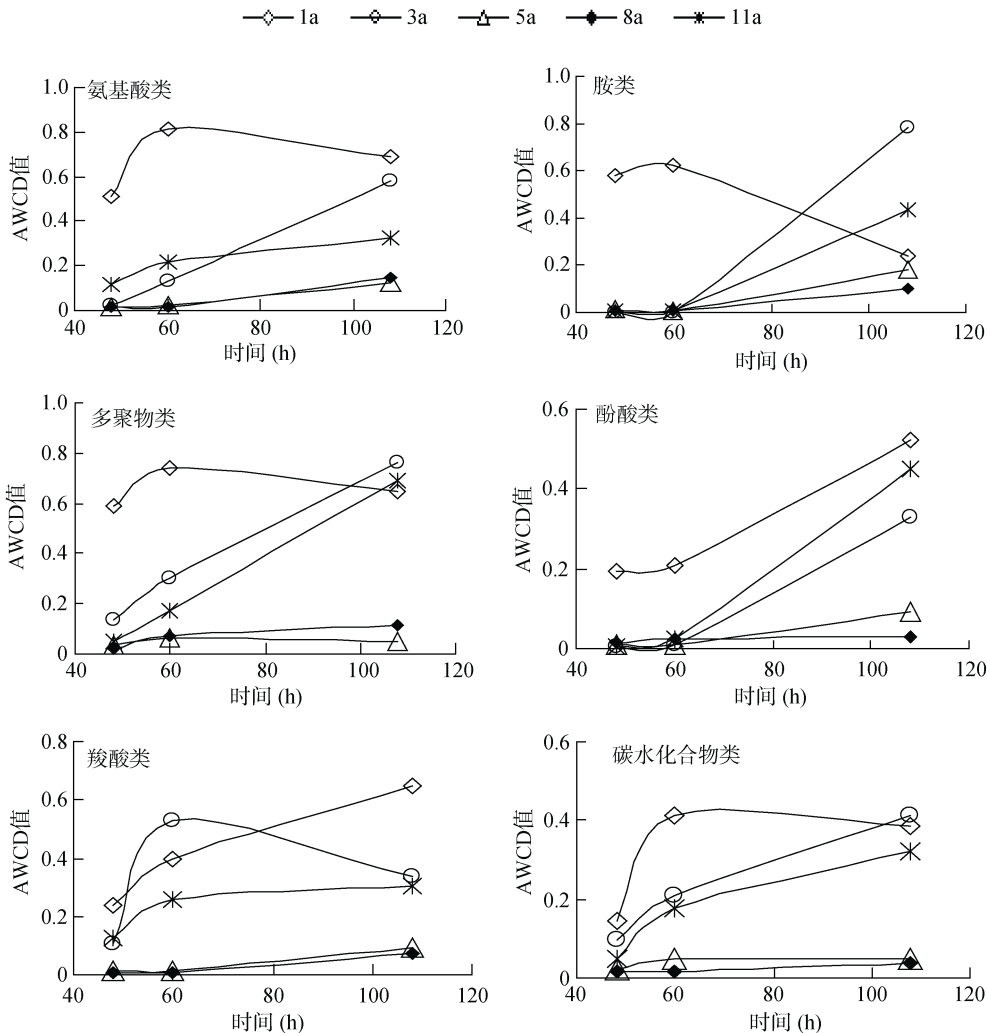


图 4 不同种植年限设施芦笋土壤微生物对不同碳源的代谢特征

Fig. 4 AWCD values of soil microbes of different carbon sources under different asparagus-planting years

2.3.3 土壤微生物碳源利用多样性的主成分分析

为进一步比较芦笋设施种植不同年限土壤中微生物的碳源利用特征,采用 Biolog-Eco 系统培养 110 h 代谢值的 3 次重复平均值进行主成分分析。由 31 种碳源因子中提取 2 个主成分因子,分别解释所有变量方差的 59.14% 和 24.87%。从图 5 可以看出,各种种植年限棚与对照 1 年棚在 PC 轴上表现出了明显的分布差异,说明芦笋多年设施种植后,土壤微生物功能多样性发生了明显变化,其中 5 年和 8 年棚土壤微生物的碳源利用类型相似度高,在 PCA 图上距离最近,3 年和 11 年棚的碳源利用类型也相对较为接近。

从表 3 的载荷因子分析可看出：在 PC1 上载荷较高的 16 种碳源中，有碳水化合物 6 种，氨基酸 5 种，羧酸和多聚物类各 2 种，酚酸类 1 种；PC2 上载

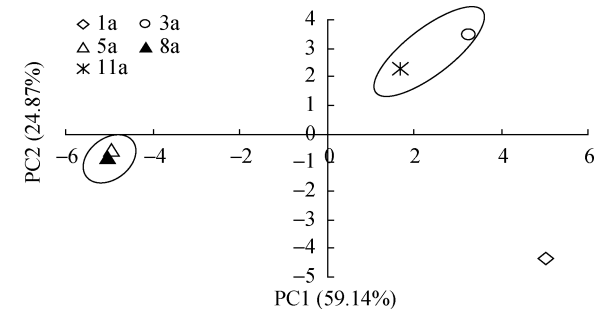


图 5 土壤微生物碳源利用类型的主成分分析

Fig. 5 Principal components analysis of carbon utilization by soil microbes

荷较高的 4 种碳源中，有碳水化合物 2 种，羧酸类 1 种，胺类 1 种，说明影响第一主成分和第二主成分的碳源以碳水化合物与氨基酸类为主。综合而言，导致

表 3 土壤微生物碳源利用主成分 1 和 2 载荷较高的碳源
Table 3 Variable loading characteristics of high principle components for carbon source utilization by soil microbes

主成分	碳源种类	碳源	<i>r</i>
PC1 (59.14%)	碳水化合物类	D-纤维二糖	0.966
		D-木糖	0.937
		β-甲基-D-葡萄糖苷	0.888
		α-D-葡萄糖-1-磷酸	0.850
		i-赤藓糖醇	0.840
		α-D-乳糖	0.807
	氨基酸类	L-天门冬酰胺	0.975
		甘氨酸-L-谷氨酸	0.963
		L-精氨酸	0.888
		L-苏氨酸	0.844
		L-苯基丙氨酸	0.808
		γ-羟丁酸	0.980
	羧酸类	D-苹果酸	0.901
		α-环式糊精	0.935
	多聚物类	吐温 80	0.921
		4-羟基苯甲酸	0.991
PC2 (24.87%)	碳水化合物类	D-葡萄糖胺酸	0.911
		D, L-α-磷酸甘油	0.840
	羧酸类	α-丁酮酸	0.970
	胺类	苯乙胺	0.737 7

表 4 土壤化学性质与微生物参数的相关性分析 (Pearson 相关系数)
Table 4 Correlations between chemical properties and microbial parameters

参数	pH	EC	速效氮	速效磷	速效钾	有机质
微生物总数	-0.34	0.16	-0.4	0.88*	0.28	0.1
B/F 值	0.95**	-0.74	-0.73	-0.13	-0.98**	-0.91*
AWCD 值	0.71	-0.78	-0.33	-0.34	-0.66	-0.65
Shannon	0.79	-0.84*	-0.49	-0.28	-0.76	-0.75
McIntosh	0.82*	-0.89*	-0.61	-0.17	-0.81	-0.82*
均匀度	0.84*	-0.98**	-0.89*	0.17	-0.90*	-0.90*

注：* 表示相关性达到 $P<0.05$ 显著水平，** 表示相关性达到 $P<0.01$ 显著水平。

含量迅速蹿升，基本上在 500 ~ 600 mg/kg 左右，这说明土壤速效钾元素含量过剩可能会对土壤微生物区系结构和生物多样性有负面影响效应。

3 讨论

芦笋大棚种植后，因长期密闭栽培、多年采收无歇耕期以及密集施肥等多因素的综合作用，土壤酸化和次生盐渍化的速度很快。研究中发现，芦笋设施栽培后，土壤 pH 从 1 年棚的 7.3 迅速下滑到 5 年棚的 5.4 左右，土壤盐分含量也增加了 5 ~ 6 倍，速效氮、速效钾和有机质不断积累，这种土壤微环境的差异可能是导致土壤微生物数量和区系结构差异的诱因。土壤化学性状与微生物学指标间的相关性分析结果显

不同种植年限设施芦笋土壤微生物群落代谢多样性差异的主要碳源为碳水化合物及氨基酸类，其次是羧酸及多聚物类。

2.4 土壤化学性状与微生物学指标的相关性分析

为探讨土壤微生物学特征与土壤微环境各化学性状间的关联性，对这两方面的特征性指标间进行了相关性分析，结果见表 4。从表 4 关于土壤化学性质和微生物学参数的相关性分析结果看，土壤 pH 和 EC 可能对土壤微生物学指标有很强影响效应：pH 与多个微生物参数呈正相关，其中与 B/F 的相关性达极显著水平，与 McIntosh 和均匀度指数的相关性达显著水平，与 AWCD 值和 Shannon 的相关系数分别为 0.71 和 0.79；EC 值则与多个土壤微生物学指标呈负相关，其中与均匀度指数的负相关性达极显著水平，与 Shannon 和 McIntosh 指数的负相关性达显著水平，与 AWCD 值和 B/F 值的相关系数分别为 -0.78 和 -0.74。土壤速效磷含量与可培养微生物总数显著正相关，研究中发现各不同种植年限棚土壤速效磷含量几乎无差异，均在 35 mg/kg 左右，可能是芦笋种植中一个限制性养分因子，在以后的肥料管理方向上应适当调整。速效钾和有机质含量则与多个微生物参数指标呈负相关，研究中同时也发现芦笋设施种植后，速效钾

示，土壤 pH 和 EC 对土壤微生物学指标有很强影响效应，pH 与多个微生物参数呈显著正相关，EC 值则与多个土壤微生物学指标呈显著负相关；土壤速效磷含量与可培养微生物总数显著正相关，结合其他监测结果分析，磷可能是试验地芦笋现行种植管理中的一个限制性养分因子，在以后的肥料管理方向上应适当调整。

土壤微生物群落结构和组成的多样性与均匀性是衡量生态系统稳定和健康的—个重要指标^[10]。利用 Biolog-Eco 系统的碳源代谢信息分析土壤微生物代谢活性、生物多样性及聚类 and 主成分分析，并结合不同种类碳源利用情况的具体分析，可进一步了解不同环境状况下土壤微生物群落结构组成和变异趋势，

再结合栽培管理中的措施和方法,可为障碍土壤修复和保育提供一定的信息和方向。如本研究中,Biolog-Eco系统的碳源代谢分析显示,芦笋设施种植后土壤微生物代谢活性和生物多样性明显降低,而对具体碳源的利用则解析出设施种植后,胺类的代谢明显延迟,需经60 h的底物诱导后才逐渐恢复,而对照1年棚土壤微生物此时已完成了其对胺类底物的代谢高峰期;不同碳源具体代谢情况还显示出5年和8年棚土壤微生物对6类碳源利用能力明显下降,而种植年限最高的11年棚土壤却均好于它们,聚类分析和PCA(主成分分析)分析也同时显示11年棚和3年棚的碳源代谢特征和方向更趋于一致,由此结合11年棚的具体管理养护措施,可为障碍土壤修复和健康保育提供一定的改良信息和方向。另外,本研究中对具体碳源代谢的分析还显示:芦笋设施种植后,土壤微生物对胺类和酚酸类碳源的代谢能力明显下降,且不同种植年限间的差异性很清晰,敏感性好。结合主成分分析中的因子载荷分析可知,其代谢最敏感的指示碳源主要为4-羟基苯甲酸和苯乙胺,可为今后工作中研究方案的制定提供更精准的信息。

本文对设施芦笋地的土壤微生物群落研究主要基于传统平板计数和Biolog微平板法,而这两者都是基于培养的土壤微生物群落结构研究方法,在实际应用中均存在一定的不足和局限。传统平板培养法简便易行,一直被广泛应用,许多研究表明利用该法得到的土壤微生物多样性与土壤病害控制、有机质分解等方面存在一定的关系^[12-14],但与非培养方式相比,农田土壤中只有0.1%的微生物可以在现有培养基上生长,因此该法所能反映的土壤微生物群落结构和区系概况仅仅是冰山一角,还有更多的未知状况需要深度挖掘。而Biolog微平板法则是以群落水平的碳源代谢指纹来表述土壤样品的微生物群落特征和功能多样性,其灵敏度高,既可分辨微生物群落的微小变化,也可最大限度地保留微生物群落原有的代谢特征,已被广泛用于评价土壤微生物的功能多样性。但该法对快速生长和适合在实验条件下生长的群落有强烈的选择性^[15],另外,测试底物也不能完全准确地代表生态系统中的所有底物类型,所以Biolog的反应特征只能粗略地表征土壤微生物群体底物利用的动力学特征。因此,如果要精确解析设施芦笋地土壤微生物群落演替状况,还需要结合其他研究方法进一步探索,进行多方面的综合分析,以完善研究结果的可靠性。

4 结论

(1) 芦笋设施种植后,土壤细菌数量相对减少,真菌数量相对上升。随种植年限延长,真菌在整个可培养微生物区系中所占比例迅速上升,反映土壤可培养微生物区系结构的B/F值逐渐降低。

(2) 芦笋多年设施种植导致土壤微环境发生改变,这种改变不同程度地抑制了土壤微生物代谢活性、减少了土壤微生物碳源代谢类群的多样性,土壤微生物AWCD值、物种丰富度(S)及Shannon和McIntosh指数均呈下降趋势。

(3) 设施芦笋棚土壤微生物学指标对土壤pH和EC值即盐含量有很强的响应效应,多个微生物参数指标与二者的相关性指数都较高:其中pH与B/F值的Pearson相关系数为0.95,正相关性达极显著水平($P<0.01$),与McIntosh和均匀度指数间的Pearson相关系数分别为0.82和0.84,正相关性达显著水平($P<0.05$);EC值与均匀度指数间的Pearson相关系数为-0.98,负相关性达极显著水平($P<0.01$),与Shannon和McIntosh间的Pearson相关系数分别为-0.84和-0.89,负相关性达显著水平($P<0.05$)。此外,相关性分析结果还显示:速效磷、速效钾含量也是试验基地土壤中对微生物种群数量和代谢活性及多样性影响较大的2个因素。

参考文献:

- [1] 黎宁,李华兴,朱凤娇,刘远金,邝培锐.菜园土壤微生物生态特征与土壤理化性质的关系[J].应用生态学报,2006,17(2):285-290
- [2] 张薇,魏海雷,高洪文,胡跃高.土壤微生物多样性及其环境影响因子研究进展[J].生态学报,2005,24(1):48-52
- [3] 郝晓晖,胡荣桂,吴金水,汤水荣,罗希茜.长期施肥对稻田土壤有机氮、微生物生物量及功能多样性的影响[J].应用生态学报,2010,21(6):1477-1484
- [4] 彭芳芳,罗学刚,王丽超,赵鲁雪.铀尾矿周边污染土壤微生物群落结构与功能研究[J].农业环境科学学报,2013,32(11):2192-2198
- [5] 鲁如坤.土壤农业化学分析方法[M].北京:中国农业科技出版社,2000:12-271
- [6] 姚槐应,黄昌勇.土壤微生物生态学及其实验技术[M].北京:科学出版社,2006:180-190
- [7] Zhang HF, Li G, Song XL. Changes in soil microbial functional diversity under different vegetation restoration patterns for Hulunbeier Sandy Land[J]. Acta Ecologica Sinica, 2013, 33(1): 38-44
- [8] Garcia-Villaraco VA, Probanza A, Gutierrez MFJ. Effect of fire and retardant on soil microbial activity and functional diversity in a Mediterranean pasture[J]. Geoderma, 2009,

- 153: 186–193
- [9] Wei Y, Yu Lf, Zhang JC. Relationship between vegetation restoration and soil microbial characteristics in degraded karst regions: A case study[J]. Soil Science Society of China, 2011, 21(1): 132–138
- [10] 杜莲凤, 张维理, 武淑霞, 黄锦发, 张继宗. 长江三角洲地区不同种植年限保护菜地土壤质量初探[J]. 植物营养与肥料学报, 2006, 12 (1): 133–137
- [11] 孔滨, 杨秀娟. Biolog 生态板的应用原理及碳源构成[J]. 绿色科技, 2011(7): 231–234
- [12] Boehm MJ, Wu TY, Stone AG, Kraakman B, Lannotti DA, Wilson GE, Madden LV, Hoitink HAJ. Cross-polarized magic-angle spinning ^{13}C nuclear magnetic resonance spectroscopic characterization of soil organic matter relative to culturable bacterial species composition and sustained biological control of *Pythium* root rot[J]. Applied and Environmental Microbiology, 1997, 63: 162–168
- [13] Hu S, Bruggen V. Microbial dynamics associated with multiphasic decomposition of ^{14}C -labeled cellulose in soil[J]. Microbial Ecology, 1997, 33: 134–143
- [14] Maloney PE, Bruggen V, Hu S. Bacterial community structure in relation to the carbon environments in lettuce and tomato rhizospheres and in bulk soil[J]. Microbial Ecology, 1997, 34: 109–117
- [15] Smalla K, Wachtendorf U, Heuer H, Liu W, Forney L. Analysis of BIOLOG GN substrate utilization patterns by microbial communities[J]. Applied and Environmental Microbiology, 1998, 64: 1220–1225

Microbial Community Structure and Function in Greenhouse Soils of Asparagus

ZHOU De-ping^{1,2}, CHU Chang-bin¹, FAN Jie-qun¹, JIANG Zhen-fang¹, WU Shu-hang^{1*}

(1 Institute of Eco-Environmental Protection, Shanghai Academy of Agricultural Sciences, Shanghai 201403, China;

2 Shanghai DongBao Agriculture Science and Technology Limited Company, Shanghai 201106, China)

Abstract: The structure and functional diversity of soil microbial communities of 1, 3, 5, 8 and 11 a asparagus shed were investigated with traditional dilution plate and Biolog-Eco system. The results showed that amount of bacteria decreased, fungi increased and bacteria/fungus ratio (B/F) decreased sharply after the cultivation of asparagus, which indicated a trend of soil microbe type translation from bacteria to fungi. Except for 11a shed, microbial metabolic activities were decreased as the increase of planting year, the AWCDS of 5a and 8a shed were only 15% of control's (1 a shed). Diversity of microbial metabolic communities decreased: the richness indexes (S), Shannon indexes, McIntosh indexes of 5a and 8a were about 72%, 82%, 90% of control's (1a shed) respectively. The principal component analysis (PCA) showed the differences in metabolic characteristics of soil microbial community resulted mainly from the utilizations of six carbohydrates and five amino acids. The microbial parameters were sensitive to pH and EC of soil. In addition, the contents of available phosphorus and potassium in soil also affected microbial metabolism and soil system differentiation.

Key words: *Asparagus officinalis* L., Greenhouse soil, Microbial community, Diversity